

The
Year

10,000

Explosion

How Civilization Accelerated
Human Evolution

Gregory Cochran & Henry Harpending

一万年
的爆发

文明如何加速人类进化

一万年的爆发：文明如何加速人类进化

[美]格雷戈里·柯克伦 亨利·哈本丁 著
彭李菁 译

中信出版社

目录

前言

第一章 概论：一般常识

第二章 潜伏的尼安德特人

第三章 农业：重大的变化

第四章 农业的意义

第五章 基因流

第六章 扩张

第七章 中世纪演化：阿什肯纳兹犹太人如何获得他们的智慧

结论

术语表

版权页

前言

在过去100年的大部分时候，社会科学的共识就是人类的演化很久以前就停止了。按照最新的版本，演化在大约5万年前人类开始扩张并走出非洲前就停止了。这意味着世界各地人类的头脑都该是一样的，即所谓“人类精神的一致性”。这要是真的就好了。可惜，如果演化在那时就停止了，那么世界各地人类的体质也应该是一样的，但事实明显不是这样。共识明显是错的，人类的演化一直在持续，依照现代的进化理论，很难想象还有别的解释。

看起来社会科学（尤其是人类学）没给自己增光添彩，我们决定用一种新的方式写这本书，认真对待进化理论的种种提示，同时欢乐地摒弃未经证明的人类学教条。我们的方法很大程度上依靠遗传学。由于当下的分子生物学革命，遗传信息的积累速度极为惊人，所以我们相信这个方法将卓有成效。同时我们也应用古生物学、考古学和经典历史学来支持我们的论点。我们认为不应该忽视任何相关信息。

我们的许多工作可被称作“遗传历史学”。这是一种新型史学：我们承认这些平常的事实，但我们用一种非常不同的框架来解释。传统史学述说关于战争、王国和伟人的故事，同时有观念史和科技史的研究。计量历史学家研究商业和人口发展趋势。我们则特别关注影响人类自然选择的历史因素，特别是那些有利于创造和传播新的等位基因的因素。打个比方，如果一个国家雇用外国军队，我们感兴趣的是雇佣军的数量，他们来自何方，以及雇佣军定居和与本地人口混合的程度。只要雇佣军活下来并繁衍生息，我们不会太关心他们打赢了仗没有。同时我们也不理会他们带来的文化，除非这些文化改变了自然选择的压力或影响了基因流。

传统社会科学，比如历史或人类学，主要关注头脑的软件，意思是无形的文化的演变，比如习俗、神话或社会结构。遗传历史学关注的是关于基本硬件的变化，即身体和大脑的变化，这些也很重要。如果这些硬件的变化不重要，狗都可以玩扑克了。

对人类学家来说，观察一个地方的农民在一段时间内如何生活大概是很重要的；但对遗传历史学家来说，真正有意思的是自然选择为何会允许农业出现，以及在这以后，农业生活方式形成的新选择压力如何确立和传播群体基因组成。我们用同样的方法考虑无论是旧石器时代人类演化，还是1万年前的农业演化，又或是欧洲阿什肯纳兹犹太人的现代演化——这一犹太人群体经历了中世纪特殊的自然选择压力后，一跃到了西方智力阶梯的顶端。

我们用不同的方式得到了同样的研究方法。格雷戈里·柯克伦（Gregory Cochran）是物理学家，而我们将要展示的理论，无论看起来有多奇怪，对物理学家来说都是很自然的。亨利·哈本丁（Henry Harpending）博士毕业后曾热情地投入社会科学事业，但多年的理想幻灭经历和社会科学诸研究领域的现状都促使他转向人口学和遗传学。他相信这两个学术领域有真正的理论，能和其他自然科学学科密切联系起来。

许多学者同人对这本书的内容提出了建议、想法或者异议。我们对他们的帮助和批评深表感激。其中特别重要的是威斯康星大学的约翰·霍克斯（John Hawks），加州大学欧文分校的罗伯特·莫迪斯（Robert Moyzis）和埃里克·王（Eric Wang，王先生目前在昂飞申科上海有限公司），犹他大学的艾伦·罗杰斯（Alan Rogers）、道格·琼斯（Doug Jones）和蕾妮·彭宁顿（Renee Pennington）。我们也受益于在史蒂夫·赛勒（Steve Sailer）主持的人类生物多样性网络讨论群上与网友们的讨论。

我们也受惠于犹他大学的克里斯滕·霍克斯（Kristen Hawkes）、詹

姆斯·奥康纳（James O'Connell）、丹尼斯·奥诺克（Dennis O'Rourke）和乔恩·赛格尔（Jon Seger），加州大学戴维斯分校的格雷戈里·克拉克（Gregory Clark），加州大学河滨分校的艾伦·菲克斯（Alan Fix），加州大学伯克利分校的蒙哥马利·斯拉特金（Montgomery Slatkin），亚利桑那州立大学的金·希尔（Kim Hill），芝加哥大学的布鲁什·莱恩（Bruch Lahn），埃默里大学的梅尔·康纳（Mel Konner），“触媒外交”（Catalytic Diplomacy）组织的杰里米·斯通（Jeremy Stone），“基因表达头版”（GNXP）网站的雷姿比·卡恩（Razib Khan），哈佛大学的詹姆斯·李（James Lee），伦敦国王学院的罗莎琳德·阿登（Rosalind Arden），西安大略大学的菲尔·拉什顿（Phil Rushton），以及斯坦福大学的巴拉伊·斯里纳文赛（Balaji Srinivasan）。本书中的部分研究得到了Unz基金会的资助。

180万年前至50万年前，直立人和他们的后代占据了旧大陆温带

控制火，掌握预制石核技术

约5万年前，现代人走出非洲，定居欧洲、亚洲、大洋洲

约6000年前说印欧语的人种出现和扩张

1200年前至400年前，阿什肯纳兹犹太人在欧洲北部兴旺繁荣

尼安德特人在欧洲和西亚出现

非洲东北部接近现代人的新种出现，在暖期[译注：指距今12万—13万年的伊米亚间冰期（Eemian Period）]涌入中东

约2万年前的末次冰期

约1万年前农业在一些核心地带发展起来

约2000年前地中海沿岸和中国一带建立起一些帝国

1 000 000 100 000 10 000 1 000 100

距今的年数

第一章 概论：一般常识

人类在四五万年中没有任何生物学上的变化。我们以这万年不变的头脑和身体创建了所有我们称之为文化或文明的东西。

——斯蒂芬·杰伊·古尔德 (Stephen Jay Gould)

自然选择过程必然曾经剧烈地弱化。我们无法避免这样的结论，即人类演化的过程曾戛然而止。

——恩斯特·迈尔 (Ernst Mayr)

我们要论述的是人类的演化在过去1万年间加速了，如今更是近百倍于我们存在的超过600万年间的平均速度。演化的步伐如此迅猛，人类身体和头脑的变化比在任何有记录的历史时期都更加显著。萨尔贡大帝和印和阆^[1]跟你不仅有文化差异，也有基因差异。这是一个激进的想法，让人难以置信——就好像树木在你观望的时间内明显长高。然而证据就在那儿，我们将在随后几页阐明。

长期以来，科学家们都相信四五万年前欧洲的“生物大跃进”标志了文化进步的开始和人类显著演化的终止。在当今，“生物跃进”理论认为人类开发了文化，旧石器时代早期出现的复杂工具、艺术和个人装饰造型证明了这一点，文化则把人类从自然选择的压力下解放出来：我们制作衣服而不是生长皮毛，我们制作更精良的武器而不是使身体变强壮。

行为的现代性使得人类演化暂停——这一论点能否成立，取决于静态环境的观点。^[2]可以这样说，如果一个群体——无论是人群、狼群、螃蟹草还是其他——长时间置身于一个稳定的环境中，这个群体最终会

在基因层面上适应这个环境。这种情况下简单的基因改变不会显著改善个体对环境的适应，因为整个物种已经接近对环境的最适应状态。经济学家会把这个状态称为人行道上的1000万亿美元都已经被捡完了。这种情况下，生物进化自然会降至极缓的速度。这不是说一个稳定的物种就是各种性状都已经完美了，而是说它的生存策略已经被极大程度地开发了。比如说，跳跃未必比四足着地行走更有效率（四足好，两足坏！），但袋鼠就善于跳跃，它们的身体结构已经和移动方式很好地匹配。生物群体永远不会完全地适应所处的环境，因为环境总在不断变化，但可以十分接近完美的适应。比如说，有些兰花外形和气味上都和某种蜜蜂极为相近，蜜蜂甚至尝试与之交配，从而完成了传粉的过程。有些物种极端适应环境，比如鲨，几千万年间都几乎没有变化，它们简直比山还古老。

然而，现代人在过去的5万年间经历了剧烈的变化。我们走出非洲并定居在南极以外的每一个洲。我们遭遇并取代了其他古老的人种，比如尼安德特人，并很可能在取代的过程中带上了他们的某些基因。从旧石器时代早期到新石器时代以来，不断加速的文化爆炸带来了新技术和新的社会形式。事实上，文化本身已经成为人类环境中越来越重要的部分。

地理上的拓展（使我们置身于新环境）和文化革新均改变了人类所经历的自然选择压力。许多生物性状的收益改变了，最佳生存策略也随之改变。举例说，当人类10万年前猎取大型猎物时，他们所依靠的是近距离攻击和手中的长矛。这类攻击十分危险和费力，所以在那个时候，猎人必须有强健的肌肉和粗壮的骨头。这种体形有其劣势——不说别的，它就需要更多的食物——但总体上说，它是当时情形下的最佳解决方式。新武器，比如梭镖投射器和弓，有效地贮存了肌肉产生的能量，这就意味着猎人不必有宽厚的肱二头肌和强健的骨骼就可以杀死大猎物。在这种情况下，更轻捷善跑、不需这么多食物的人们就成了更有竞争力的优胜者。身体沉重是过去的选择：昂贵，但已不再必要。南非

的布须曼人直至晚近都在过着狩猎兼采集的生活，几千年来都在那一地区用弓和带毒的箭射杀猎物。他们是矮小、坚韧、极瘦的人，不到5英尺（约1.5米）高。这看起来就像工具造就了人——弓弩造就了布须曼人。

渔网和鱼叉被发明之后，在世界上许多地方鱼成了饮食结构中越来越重要的部分，而使人类能更好地适应饮食结构的代谢变化被自然选择青睐。贴身衣物能更好地抵御寒冷，并让人类勘探更北的地域。在寒冷的地方，人们不需要很多针对低温的生理防护，但在新落户的更冷的地区人们就会需要，比如说较短的胳膊和腿，较高的基础代谢和较小的鼻子。随着食物制备的新方法的出现，比如用火烹煮食物，人类牙齿开始变小，并在随后的许多世代中变得越来越小。可以贮藏液体食物的陶器的制作更是加速了牙齿缩小的过程。复杂的生物功能不再重要时就会缓慢地退化，因为造成功能退化的变异不再降低生殖适应度，你大概会觉得牙齿的变化可以这样解释。但这一我们称之为“随意选择”的趋势太过缓慢，很难作为牙齿大小变化的解释。反而这些变化一定是受到有利条件的驱使，很可能小牙齿在代谢层面更节约。

从现代人类语言的复杂程度来看，自然选择一定也造成了听力的变化（包括耳朵的变化和大脑处理声音机制的变化），使人类在言语中更好地辨别声音。想想看能比别人更好地解读难懂的口头信息，哪怕只是好一点点——窃听可是生死攸关的问题。我们有证据证明，影响内耳的许多基因显示出晚近的自然选择的迹象。^[3]这些基因很容易辨识，因为它们的剧烈变化会导致耳聋。复杂的语言加上不断提升的创新能力和必然带来欺骗能力的提高，于是为了抵制骗子，能够帮助旧石器时代人类的个性和认知能力的那些改变，也在自然选择压力中脱颖而出。

一般的印象是演化是很慢的，所以剧烈的变化通常要花上几百万年。但仔细看看化石证据和当代自然选择的例子，自然选择是可以快速进行的。所谓漫长的进化过程，其实是将近停滞的长时段（即前面提到

的群体极度适应环境引起的进化速度放缓）穿插偶然出现的快速变化时期。这些快速变化的短暂时期在化石记录上很难显示，因为时间太短，生物痕迹很少转化为化石。

斯蒂芬·杰伊·古尔德所说的距今5万至10万年就是“一眨眼的时间”，时间太短所以不可能看到“任何在进化意义上显著不同的特征”，这完全不对。[\[4\]](#)我们有大量例子，其中自然选择造成的剧烈变化发生在更短的时段内，甚至有些特别短暂。包括了你脚下的小狗和玉米棒上的苞谷的一切都是晚近演化的结果。



狼



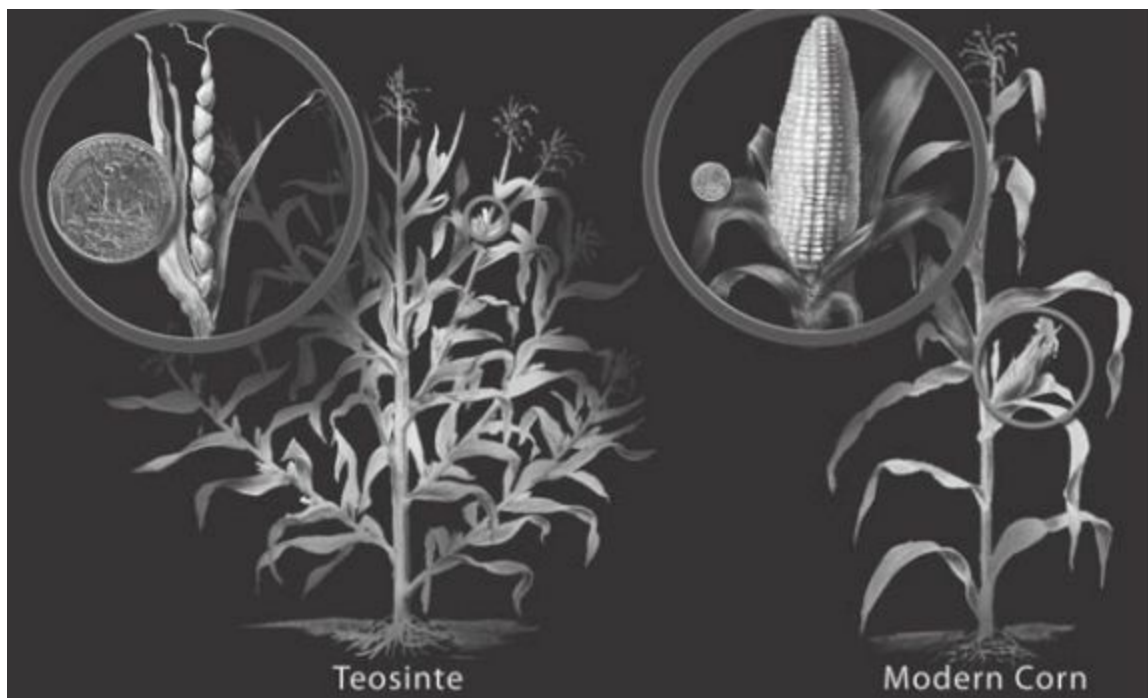
吉娃娃与大丹犬

最方便的例子是驯养的结果。驯养的动植物通常外貌和行为都与它们的野生祖先相距甚远，而在任何驯养例子中演化差异都发生在远远短于距今10万年的时间内。比如说，狗是约15万年前从狼驯养而来的，但如今它们体形和大小的差异超过了任何其他哺乳动物。

它们的行为也发生了改变：狗善于领会人类的声音和手势，狼则完全无法理解我们。公狼和它们的母狼伴侣出双入对，并很努力地帮忙抚养狼崽，至于公狗嘛，可以说是完全不负责任。过去几个世纪中狗发生了显著的基因改变，大部分我们今天所知的驯养品种都不会比这更古老。

在极端例子中，苏联科学家用40年就成功得到了一个驯养狐狸的品种。[\[5\]](#)在每一代狐狸中他都选择（而且只选择）驯服的个体，于是这个

品种的狐狸终于变得友善并喜欢和人类亲近，这和野生狐狸截然相反。这个驯养狐狸品种同时也有其他的改变，它们的毛色变淡了，头骨变得更圆，而它们中的一些与生俱来就有耷拉的耳朵。看起来影响行为（驯服）的一些基因同时也影响其他特征，所以当德米特里·贝尔耶夫（Dmitri Belyaev）选择驯服这一特征时，他相应地使其他性状也发生了改变。在驯养过程中许多这类性征都作为改变的副产品出现了，这发生在许多物种身上，可能也包括了人类，我们在后面会提到。



蜀黍和玉米

农作物发生的变化也非常显著。玉米来源于一种称为蜀黍的野草，它在过去7000年内发生了巨大的变化。如今很难想象玉米和蜀黍是近亲。

人为选择造成的巨变不是孤立的个案，在许多驯养品种身上，甚至在今天，都能观察到。进化遗传学家预计任何性状的重大改变在几十代的时间内发生都是可能的，这些预测一直都在被证实。在许多种类的农业中选择都是常规操作，并行之有效：人为的选择使玉米产量大增。你

可不能跟玉米过不去。

但有些人还确实试着争辩。其中一个论点是驯养的动植物都是人工选择的例子，所以和我们的论述并不特别相关。但某些基因变异被青睐，渐渐出现得更多，这一过程对自然选择和人工选择来说都是演化的核心。两者的过程并没有显著区分，只是规模上有差异。还有，我们的记录上也有在过去几千年内（也就是冰期之后至今的时段）完全由自然选择造成的适应性变化的例子。

冰期以后

冰期在11500年前结束（或至少是暂停了）。冰期结束引起了世界许多地区剧烈的环境变化，尤其在北半球。美国西南部变得更温暖干燥，直到成为今天的沙漠，其间石炭酸灌木出现。它原产阿根廷，很可能候鸟迁徙时把它的种子带到了北方。得益于它带树脂涂层的叶子，能饿死竞争植物的密集侧根，以及深入15英尺（约4.6米）地下的主根，它在沙漠繁衍兴旺。许多昆虫目前住在石炭酸灌木丛，其中一些已经特异到不能吃别的东西了。石炭酸灌木竹节虫看起来跟这灌木的茎一模一样，还有一种蚱蜢，甚至长出了像树脂光泽的银色斑块来模仿树叶。所有这些专门生长在石炭酸灌木丛的昆虫祖先都来自北美而不是南美，所以它们所有的专门化的特征都是过去1万年间出现的。^[6]

这次冰期的结束引起全球海平面上升，1英里厚的大陆冰盖融化，海平面上升了几百英尺。由于海平面上升，一些山区变成了岛屿，隔离了小群体的各类物种。这些岛太小，所以大型肉食动物无法生存，而它们的缺席使体形巨大所得的收益消失了。相反，小型象比大型象有优势，大概因为它们需要更少的食物和繁殖更加频繁。在仅仅5000年间，大象就变小了很多，从12英尺（约3.7米）的原始高度变成仅仅3英尺（约0.9米）。值得注意的是大象每一代成长时间大约20年，与人类相似。

但光是变小在进化史上还算不上剧烈。事实上，约翰·图比（John Tooby）和勒达·考斯米德斯（Leda Cosmides，现代进化心理学的两位奠基者）曾说：“鉴于一代人的时间很长，以及事实上农业只占人属演化历史的不到1%时间，我们不太可能已经演化出对农业（或工业）生活方式的复杂适应。”^[7]复杂适应性是对生殖适应有利的一种性质，涉及

许多基因的协同运作。这就意味着人类在冰期以后的时间范围内不可能演化出翅膀、第三只眼睛或其他新的、真正复杂的适应性行为。图比和考斯米德斯另有论述说，因此人类群体之间不可能存在深层心理差异。

我们认为以上关于新的复杂适应的演化的论述是正确的，但它低估了涉及一个或少数基因改变的简单适应的重要性。它得出的人类实际上都是一样的结论毫无根据。我们将指出，人类不仅以一个很快的速度演化，而且不同的人类群体演化的过程是不同的。随着时间推移，当群体间的差别一直积累，人与人之间也变得越来越不一样。[\[8\]](#)

狗

我们再来看看狗，他们是关于快速演化最好的例子。它们被驯养的时间大致相当于人类从事农牧的时间，而在这短暂的时期内它们就发生了巨大的变化。狼是狗的祖先物种，狗的行为来源于狼的行为适应。爱尔兰赛特犬会锁定猎物，博德牧羊犬放牧其他动物。这两个品种都分别突出了狼的一些行为。当狼群闻到猎物时，领头的狼会静止下来并牢牢锁定气味的方向。博德牧羊犬的放牧天性也一定来源于狼把猎物集中赶到一起的模式，只不过这种本能被显著放大了。

狗比狼要能玩得多，这大概可以理解为保留幼年行为（称为“幼态延续”）。保留现有的幼年行为比从头演化出一种新行为要更加容易实现。许多狗与人类互动的方式都可以理解为狼群行为适应的一种新应用，主人担当了头狼的角色。

狗的复杂行为适应肯定都能在狼那找到可识别的先驱，但这并不意味着所有品种的狗都与它相近或一样。事故统计的证据非常突出：狗普遍的扑咬行为，在不同品种间的程度分布不成比例。根据一份从1982年到2006年的美国犬类攻击调查，博德牧羊犬只有1例，斗牛梗犬有1110例。[\[9\]](#)

很可能还没有足够的时间让狗开展全新的复杂适应，但肯定已经有足够的时间让它们丢失一些复杂适应，有些是所有品种都没有的，有些只是部分品种没有。母狼会挖分娩用的穴，有一些狗仍然这样做，但大部分不会了。狼有可预计的生育旺季，每年在固定的时期，有一些狗的品种也有，但大部分都没有。公狼帮助照顾后代，公狗不会。任何物理的或行为的适应，如果在新环境中没有太大用处就会迅速丢失，尤其是当这种适应有显著代价的时候。在无光洞穴中的鱼经过几千年就会完全

丧失视力，比当初眼的演化需要的时间短多了。

某种程度上这些都是演化的表面变化，涉及功能的丢失或功能的放大和转移。尽管这种变化不会产生鳃或“声呐系统”，但它们可以实现惊人的事情。狗是单一物种，但如我们指出的，它们外形上的差异超过了所有其他哺乳动物，而且演变出许多奇特的能力，包括学习能力。而不同品种的狗学习的速度和能力大为不同。两个品种学习一个新的命令所需要的重复次数可以有10倍以上的差异。博德牧羊犬通过5次重复就可以学会听从一个新的指令，而且能给出95%正确的回应。巴吉度猎犬却需要80到100次重复来学习，而且只有25%的正确率。

表盘和旋钮

同样，我们料想人类的大部分晚近的变化都是表面的演化，大多只是一个突变的深度。旧的适应可能在某些群体中丢失了，但保留在其他群体中。我们知道至少一个例子，就是我们将要在第四章讨论的：一些浅肤色的群体，尤其是北欧人群，丢失了大部分产生黑色素的能力。

许多这样的变化可以比作旋转开关或捻转旋钮：曾经被严格控制的生物过程可以一直开着，比如说乳糖耐受；它们也可以被完全关掉，比如朊天蛋白酶—12的基因，如果表达就会增加败血症的风险，但在大部分群体中都是被抑制的。[\[10\]](#)这类生物过程也可以被选择性地关闭，比如说达菲突变，它是一种疟疾防御机制，控制特定的受体分子在红细胞中表达，但同时允许它们在所有其他地方表达。其他的一些变化则更像开大音量（有时直到最大音量），比如有些群体有额外的生产淀粉酶的基因，淀粉酶是唾液中的一种酶，帮助消化淀粉。[\[11\]](#)

还有，有些行为大概是基因影响的替代行为策略的结果，比如说鹰鸽博弈，就像我们将在第三章讨论的：晚近的自然选择可能完全淘汰一种特定的行为策略，也可能使现有行为策略出现的频率发生重大变化。这类行为策略大概在许多群居动物那儿都会出现，比如说狼，而狗似乎也表现出狼的行为策略的一部分，那些在驯养的条件下能很好运行的部分。如果一些狼从遗传上就倾向于成为头狼，而另一些是天生的追随者，那么狗大概更可能拥有的是这类“助手”的特征。我们料想人种之间的差异就像狗的品种间的差异，它们是演化的表面，主要涉及功能的丢失，或放大已经存在的适应，比如说幼态延续，等等。虽然这类变化不会产生真正的复杂适应，但所有这些成百上千的基因开闭和选择性表达所产生的改变，仍然可以引发我们在狗和其他驯养物种身上看到的演化

变化。而这样的演化变化，例如大丹犬和吉娃娃之间的差异，或蜀黍和现代玉米之间的差异，绝不算很小的演化变化。也就是说，农业仍然是有可能引发剧烈演化变化的。

我们不仅有充分理由相信过去5万年显著人类演化在理论上是可能的，而且这非常可信，单从人类看起来非常不一样就可以看出显著人类演化已经发生了。当不同人类群体被远距离和地理障碍隔离开的时候，这尤其明显。他们之间的差距那么大，外表上就已经有很高的对比，比如没有人会把芬兰人错认为祖鲁人。外形上的差异有遗传上的解释，所以我们知道自从现代人走出非洲以后发生了实质的遗传改变，但每一个人类群体的演化变化过程是不一样的。

有人说人类群体间的差别都只是表面特征，如肤色和发色，而不是像肝功能或大脑发育的不同。在怀疑论者联盟（Skeptic Society）的电子邮件通信上一封写给文森特·萨里奇（Vincent Sarich）和弗兰克·米勒（Frank Miele）的信中，恰克·雷米（Chuck Lemme）说“我们的内在不像外表那么多样化”，即便外表上的差别也很“肤浅”。^[12]雷米认为这些表面的差别是由性选择驱动的，它们就好像各种时尚一样。^[13]当然，如果专家们能轻易从骨骼特征辨别种族，那说明这些“肤浅”的差别都深入到骨头上去了。事实上，近期研究显示的确有影响脑发育的群体基因差别，我们将在第四章提到。

对从前的体质人类学家来说，专注于容易观察到的差别是自然而然的，但这并不意味着所有差别都能轻易被观察到。肤浅的是从前的科学家们，可不是差别。

有人说人类群体间的差别很小而且并不显著。理查德·路翁亭（Richard Lewontin）就曾在1972年指出大部分遗传差别都发生在单个群体内而不是多个群体之间。大约85%的人类遗传变异都是群体内的，只有15%是群体间的。路翁亭和其他人由此论述说人类群体间的遗传差

别必然比群体内的差别要小。^[14]但是，遗传变异的分布和狗的情况是一样的：70%的遗传变异发生在单个品种内，只有30%发生在不同品种之间。如果路翁亭用来论述人类群体的那套逻辑适用的话，就只能断定大丹犬个体间的差别必然比大丹犬和吉娃娃之间的一般差别要大。但这可是我们没法接受的结论。

事实证明，虽然遗传变异就如路翁亭所说的那样分布，但他对此的解释是不对的。遗传变异分布的信息基本上没法告诉你任何关于性状差别的规模和重要性。我们观察到的高度、体重、力量、速度、肤色等的实际差别是真实可信的，不可能找理由把它们搪塞过去。遗传统计不会告诉你，你可以预计在群体之间看到哪些类型的差别，如大小、力量、寿命或性格。事实证明这些遗传差别之间的相关关系很重要。如果不同群体间的遗传差别倾向于向同一个方向推进（倾向于青睐某种趋势），那么它们可以叠加并造成很大的影响。举例说，无疑有许多基因影响狗的发育，其中一些促进发育，另一些抑制发育。即便我们同时在大丹犬和吉娃娃身上找到这两类基因的变异，它们叠加出的趋势也是不一样的。促进发育的变异必然在大丹犬身上更常见。即便某只大丹犬个体身上有特定基因抑制发育突变，而同时某只吉娃娃身上有同一个基因促进发育突变，许多基因作用的总和几乎肯定会倾向于让这只大丹犬长得更大。从我们所知道的可以保证没有任何成年吉娃娃会长到任何成年大丹犬那么大。这就好像某一天新墨西哥州的阿尔伯克基或许比夏威夷的希洛下的雨还要多，但在一年的时段内，希洛肯定更潮湿。从记录上看每年都是这样的。

举个更好的例子，想想北欧人和中非人对疟疾的抵御能力。一个尼日利亚人或许会有镰状细胞突变（已知的对恶性疟疾的防御），而几乎没有任何北欧人有，但即便没有携带镰状细胞的大多数尼日利亚人都比任何瑞典人更能抵御疟疾。他们的许多基因都有抵御疟疾的突变。这是自然选择的典型模式，即群体的相关演化变化，同一方向上的变化对相同选择压力的同一回应。

而与遗传统计相对的是，单一基因的改变有时会有非常严重的影响：我们所知的许多可怕的基因疾病都可能是单一基因的改变引起的；我们也知道，一些发生在驯化过程中的重要变化是由单一基因的突变引起的。

例如，野生杏仁含苦杏仁甙，那是一种苦味的化学物质，当这些杏仁被食用时会变成氰化物。食用野生杏仁可致死。但对于人工种植的杏仁树，一个单一基因的突变阻止了苦杏仁甙的合成，使杏仁变得可以食用。[\[15\]](#)

由很小的基因改变引发这类严重的后果是可能的，因为DNA（脱氧核糖核酸）有点像一份菜谱或一个电脑程序：改掉一个字母有时就会产生剧烈的影响。举一个惊人的例子，最常见的一种侏儒症是由一个单核苷酸的改变引起的，这就好像一个拼写错误改变了整本书的含义。原则上，单一基因的差别就可以导致人类群体间的显著形状差别。

遗传差别对身体和头脑的影响，取决于在群体间有差别的那些基因所产生的影响的重要程度。有更重大影响的变异会比只有很小影响的变异更重要。路翁亭的论证设想这两种变异的平均影响是一样的，这完全不对。由于所有人类有一个相对晚近的共同祖先（约10万年前），而非洲以外的人类有更近的共同祖先（约5万年前），群体间可识别的差别必然是迅速演化的结果，而这只能发生在作为这些差别的基础的等位基因（基因变异）有较强的选择性优势的时候。一定区域内的、作为群体间差别的基础的等位基因，必然也对遗传适应有重要的影响。群体遗传学已经暗示了这一点，而现在基因组信息证实了它。所有或几乎所有对群体间显著外貌差异负有责任的等位基因（比如由于变异引起淡肤色或蓝眼睛的基因），都曾经历过很强的选择。在这些例子中，对遗传适应有“重要影响”意味着增加个2%或3%。从新等位基因增加的速度看，这尤其是少数基因决定肤色（SLC24A5）、眼睛的颜色（HERC2）、乳糖耐受（LCT）和干耳垢（ABCC11）等性状的例子。[\[16\]](#)

在许多情况下不同人类群体甚至有更近的共同祖先，比如美洲印第安人和亚洲北部人似乎大约15000年前才分道扬镳。在这些群体中，自然选择只有更短的时间生效，可识别的群体差别对遗传适应有更大的影响。

所以，我们相信人类种群间的显著差别可以联系到一些直到晚近才增加频率并有关键适应影响的基因。只在欧洲人或他们的近邻中才出现的蓝眼睛是一个新版本的DNA作用的结果，这个版本的DNA控制了OCA2基因的表达，并且受到人为的强烈选择，至少在欧洲是这样的。干耳垢在中国和韩国很常见，在欧洲很少见，在非洲则完全没有，这说明干耳垢基因突变是非常强的晚近自然选择的结果。我们有信心预想许多（也许是大多数）还没有得到解释的种族差别也是晚近自然选择的结果。比如，我们认为亚洲北部人群中出现的内眦褶（蒙古褶）极有可能是很强的晚近的自然选择的结果。

这一切都意味着，正如4万年前的人类和他们10万年前的祖先截然不同（尤其是更有创造性），今天的人类也和我们公元前4万年的祖先有许多差别；而考虑到产生演化差别的速度加快了，我们和历史早期的祖先也不同了。我们可以充分理解《伊利亚特》（*Iliad*）里的英雄们（好吧，至少是奥德修斯），但我们和他们不一样。

现代分子生物学出现以前，我们研究人类演化的能力有很大限制。那时，我们研究的材料只有遗传学原理、比较容易观察到的人群差别（比如肤色）以及对少数基因的一些知识。这些基因大部分是血红蛋白和那些会导致严重遗传疾病的基因，比如镰状细胞贫血。

但即使是那个时候，从动植物育种的经验和通过观察许多自然界快速演化的例子，我们也知道在1万年或更短的时间里可能出现显著的演化变化。同样分明的是群体间不多的遗传差异也可能造成显著的性状差别。事实上，截然相反的生存策略可能只是由于单一基因的差异造成，就好像我们在火蚁身上看到的。火蚁中含有其中一种蚂蚁素受体的

生活在独立的蚁群中，每个蚁群只有一个蚁后；而含有另一种蚂蚁素受体的生活在一个庞大的巨蚁群中，每一个巨蚁群有许多蚁后。[\[17\]](#)就算在基因组学变革以前，人们也能很明显看出人类群体间几乎在任何性状上都可能具有显著的差别，即便直到晚近我们还有共同的祖先。而且很明显这和我们所知的遗传学是相吻合的，至少我们的肤色、大小、体形和代谢都有出现这样显著差别的例子。

随着分子进化学在过去几年中的推进，我们都学到了许多。近期研究显示许多基因正在被新的变体取代，尤其在欧亚大陆，而且不同的人群近期偏好选择的基因也是不同的。我们在过去一些年中观察到的显著人群间差异只是冰山一角。

联系

许多近期研究都使用了国际人类基因组单体型图计划（以下简称HapMap）上的数据。HapMap是一个由国际学者群体制作的数据库，记录人类基因变异的各种常见模式。HapMap选择了四个人群：90个尼日利亚人，90个有欧洲祖先的美国人，45个东京人，45个北京人。在其中一些研究中，我们会将日本和中国个体组合为“东亚”人群。

人类基因组有大约30亿个位点（四种组成DNA的基础分子），组织成23对独立的DNA群，即染色体。绝大部分DNA序列在所有人体内都是一样的，但在每几百个位点上，会出现一个变异的地方。这些是人与人之间DNA位点有可能相异的仅有的地方。

变异在这些位点的特定模式被称为单倍型。想象三个连续变异位点，第一个可以是G或C（鸟嘌呤及胞嘧啶），第二个可以是A（腺嘌呤）或G，以及第三可为T（胸腺嘧啶）或C。一个特定个体可能在第一个位点有C，第二个有A，第三个有T，他的单倍体就会是CAT，而第二个人可能有胞嘧啶—鸟嘌呤—胸腺嘧啶，或说CGT。一个单倍体就像一手扑克，而变异地方的位点就好像一张张独立的牌。

单倍体就好像扑克一样被不断洗牌。在每一代中，新的染色体从继承自父母的染色体组装而成，组装的方式就像是把两副牌拆开组成一幅新的牌，这一过程我们称之为重组。拆分可能会发生多次，平均每个染色体上会发生一到三次。

这意味着单倍体在每一代中都会被分解，原来在父母染色体中存在的完整模板在重组后将不再完整。但模板的一小部分会保持不变，而因为一个染色体有几百万个位点这么长，发生拆分的地方都应该相距较

远。

在许多代之后，任何单倍体最终都会被完全重组。但如果一个染色体上出现了一个备受青睐的突变，那么携带这一突变的个体会有比平均数量更多的后代存活，随着时间推移，越来越多的人会携带这一突变。如果突变带来的优势足够大的话，这个过程会发生得很快，这一突变甚至在原始单倍体被重组过程完全洗牌之前就会变得很常见，而携带这个突变的人们会同时仍然带着原始单倍体的特征。不同代人们携带同一原始单倍体的时间越长，观察到的突变就离现在越近。这就好像重新发牌的时候你的上一手牌又出现了，这会让你猜测重组没有进行多少，这你就猜对了！

基于HapMap的研究寻找的是长时段的单倍型（就是较长时间内没有被重组的区域），这个数据库的许多个体携带这类单倍型。这些共享的单倍型模板是晚近强自然选择的迹象——非常近，因为重组过程在一段时间内最终会把所有单倍型模板分解掉的。

一个著名的例子是产生乳糖酶（即消化奶中的糖的酶）的基因。在大多数人类或一般哺乳动物身上，乳糖酶在断奶的年龄就会停止生产，但在许多欧洲人和一些其他人种身上，生产过程会持续一生。这个适应使得成年人可以继续喝奶。乳糖耐受的欧洲人携带的这种特殊变异只有几千年的历史，所以这些欧洲人必然还保留着原始单倍型的许多特征。事实上，含有这个变异的单倍型有超过一百万个位点的长度。

近期的研究中有几百个长单倍型的例子，这些长单倍型表明是晚近的自然选择。有一些几乎被所有人携带，更多的被携带的程度居中，而大部分只被一定地区的人群携带。许多这类单倍型都是非常晚近的，在欧洲和中国的样本中，大约5500年前这类长单倍型的起源速度达到顶峰，在非洲的样本中则是大约8500年前。一个有利的基因突变出现在一些个体中并迅速传播，直到一个显著比例的人类群体都带上这个突变位点，这一过程在过去几千年间一再出现。有时在一个很大的地理区域

内，比如说欧洲或者东亚，几乎所有人都会带上能追溯到一个特定突变位点的特征。突变可能影响许多不同的特征，肤色、代谢、防御感染性疾病、中枢神经系统功能，以及任意数量的其他特征和功能。

由于我们已经为黑猩猩基因组测序，我们知道黑猩猩和人类之间遗传差异的大小。而因为我们对两个物种分离的时间长度做过合理的估算，我们能知道遗传改变的长时段速度。过去几千年间的遗传改变速度远远大于过往数百万年间的变化速度，速度增加达到了100倍的数量级。如果人类一直以来都是以这个速度演化，那么如今我们和黑猩猩之间的差距会远远比现实中要大。^[18]

另外，我们观察到的携带程度居中（20%至70%）的晚近等位基因，远远比被近100%人群携带的等位基因要多。一个新的被青睐的等位基因（从一个单一的复制开始）起初很长时间内只被很少的人群携带，其后，携带程度居中的时段较短，之后就是被近100%人群携带的长时段。因此，对于携带程度居中的等位基因较多这个情况，唯一的解释是这种仓促的自然选择是在非常晚近的时候才发生，所以只有很少的被选择的基因处于携带程度增长的末期。

一组遗传改变导致革新能力的增加，这就是加速演化的根本原因。复杂的语言能力很可能是关键。我认为新的增加创造力的等位基因（变异或基因渗透的结果）是“变异通道”，因为它们使之成为可能的革新通向更大的演化变化，就如最初发育的简单昆虫翅膀最终使蜜蜂、蝴蝶和数量巨大的甲虫出现。

每一次主要的革新都引起新的选择压力，并通向更多的演化变化，而最令人惊叹的革新是农业的出现。

^[1]萨尔贡大帝，大约4000年前在当今天伊拉克地区建立了其中一个最早的帝国。印和阗是古埃及建筑师、工程师和治疗师。

^[2]行为的现代性是一个人类学术语，指现代人类独有的文化创造力。

[3]John Hawks,“Adaptive Evolution of Human Hearing and the Appearance of Language,”77th Annual Meeting of the American Association of Physical Anthropologists, April 11,2008,Columbus,Ohio.

[4]Stephen J.Gould,“The Spice of Life,”*Leader to Leader* 15(Winter 2000):14—19.

[5]Lyudmila N.Trut,“Early Canid Domestication:The Farm-Fox Experiment,”*American Scientist* 161(1999):161.

[6]Jack C.Schultz and Ted Floyd,“Desert Survivor,”*Natural History* 108,no.2(1999):24—29.

[7]John Tooby and Leda Cosmides,“On the Universality of Human Nature and the Uniqueness of the Individual:The Role of Genetics and Adaptation,”*Journal of Personality* 58,no.1(1990):17—67.

[8]John Tooby and Leda Cosmides,“Evolutionary Psychology:A Primer,”University of California Santa Barbara,<http://www.psych.ucsb.edu/research/cep/primer.html>(accessed October 1,2008).

[9]M.Clifton,“Dog Attack Deaths and Maimings,”2008,from <http://www.dogbitelaw.com/Dog%20Attacks%201982%20to%202006%20Clifton.pdf>.

[10]Yali Xue et al,“Spread of an Inactive Form of Caspase-12in Humans Is Due to Recent Positive Selection,”*American Journal of Human Genetics* 78,no.4(2006):659—670.

[11]George H.Perry et al,“Diet and the Evolution of Human Amylase Gene Copy Number Variation,”*Nature Genetics* 39(2007):1256—1260.

[12]文森特·萨里奇是一位人类学教授，他曾在预测人属与黑猩猩属分化的时间的研究上做出关键的贡献。弗兰克·米勒是《怀疑论者》杂志的资深编辑，恰克·雷米是该杂志的长期读者。

[13]Chuck Lemme,“Race and Sexual Selection,”*Skeptic*,<http://www.skeptic.com/eskeptic/05-03-22.html>(accessed October 1,2008).

[14]Richard Lewontin,“The Apportionment of Human Diversity,”*Evolutionary Biology* 6,no.1(1972):381—398.

[15]Mark Rieger,*Introduction to Fruit Crops*(New York:Food Products Press,2006).

[16]Koh-ichiroYoshiura et al,“A SNP in the ABCC11Gene Is the Determinant of Human Earwax Type,”*Nature Genetics* 38(2006):324—330.

[17]Laurent Keller and Kenneth G.Ross,“Selfish Genes:A Green Beard in the Red Fire Ant,”*Nature* 394(1998):573;Michael J.B.Krieger and Kenneth G.Ross,“Identification of a Major Gene Regulating Complex Social Behavior,”*Science* 295,no.5553(2002):328—332.

[18]John Hawks et al,“Recent Acceleration of Human Adaptive Evolution,”*Proceedings of the National Academy of Sciences* 104,no.52(2007):20753.

第二章 潜伏的尼安德特人

在扩张并走出非洲时，现代人种遇见了古老的人种，比如尼安德特人，并最终取代了他们（进步总是有代价的）。现代人类大约4万年前出现在欧洲，首先抵达尼安德特人领地的东面和北面，即尼安德特人还没占领的广阔草原。有可能是更先进的工具，特别是可以缝制衣服的针，使得人们能够开始定居。

之后，现代人类的祖先向南面和西面迁徙，迫使尼安德特人转移驻地。这是预料中的事，当两个姐妹群体竞争同样的资源的时候，生态理论说明其中一方会争赢另一方。现代人类的祖先大约花了仅1万年时间就完全取代了尼安德特人，后者最后出现的地方大约是当今的西班牙南部。

仅仅从结果看，现代人类完全超越了尼安德特人，但我们不知道他们的关键优势究竟是什么，反正不比知道他们扩张的群体走出非洲的原因更多。对此有许多种解释，其中一些或全部都有可能是对的。

其中一个解释是现代人类有可以射击的武器，这和更早期的投掷武器截然不同。如果体重更轻的现代人类可以和尼安德特人打猎技术一样好，但同时只需要摄入更少的热量，那么身体沉重的尼安德特人会被淘汰。即便尼安德特人能成功地复制这一技术，但由于他们体重更重，他们仍然需要在打猎中消耗掉更多的能量。发掘出的属于奥瑞纳文化（公元前32000—公元前26000年的一种欧洲文化）的小型石器说明这个图景大概真的出现过，但是，最早出现的长矛投掷器（或说标枪），在晚得多的时期才被制造出来。另一个解释说现代人类更聪明，这也可能就是原因，但很难证明。

或许最普遍和最有吸引力的解释是现代人类发展出了高级语言能力，所以能把尼安德特人“说死”。这个解释得到了许多支持。很容易想象高级语言能力能带来许多好处，特别是在聚落或部落的层面上。举例说，当今的狩猎兼采集者非常熟知当地景观以及本土动植物外貌和属性，这一点普遍为人所知。他们拥有的知识也包括对发生在一代人以前的罕见而重要的事件的记忆，这一点在不稳定的冰期气候条件下尤为重要。很难想象如果复杂语言缺席的话，几代人之间的信息传输怎么可能。没有复杂语言进行沟通，大概很难有复杂多元的文化，别的不说，工具和武器的升级就会有很大限制。

从非洲开始延续到欧洲的考古记录中，我们看到现代人类和较早一些的人种远程贸易和交换的迹象，交换内容是用很远的地方出产的原材料制作的石器。尼安德特人从来不这样做，而这些贸易是有益的，就这一点来说现代人类会更占上风，而且也很容易想象语言能力的提高会有助于贸易。那些贸易联系（和所需的语言能力）有可能让人们形成大规模的联盟（例如部落联盟），而拥有贸易和联盟的社会能胜过没法同样组织起来的对手。

无论现代人类取代尼安德特人这一过程的驱动力是什么，这个过程都很慢，特别跟有记录历史的时间尺度比较，可以说过程大概完全不剧烈。从莫斯科到马德里的距离是2000英里（约3219公里）多一点，对1万年来说这实在不算很远。现代人类进军欧洲的过程比较像是偶尔打一些小战役，现代人类往往能得胜。或许现代人类是比较好的猎手，他们让大猎物变得稀缺，邻近的尼安德特人群体就倒霉了。也有可能现代人类身体更轻，饮食结构更丰富（包含了鱼），使他们更容易在艰难时期存活。更可能的是，实际上所谓的优势是所有以上所说的模式某种程度的混合。

当然，还有其他可能性。生物学上的优势有许多形式，它们不一定都是很好的，事实上它们可能是彻头彻尾的尴尬、恶心和最糟糕的无

聊。一个真实可信又尴尬的可能性是现代人类走出非洲的时候携带了一些疾病和寄生虫，那些对他们本身全然无害，但对尼安德特人和原始东亚人是非常致命的（“寄生虫”理论）。这个理论没有直接证据，事实上这很难有证据：细菌绝少留下化石证据。然而我们知道这一机制在自然界的一些例子。白尾鹿携带一种不会伤害自身的脑蠕虫，但这种蠕虫对麋鹿是致命的。^[1]所以白尾鹿十分善于取代麋鹿群体，当它们的传统天敌（比方说狼）大部分消失了之后，它们就一直在替换掉麋鹿群。另一个例子：当人们把美国灰松鼠引进英格兰的时候，本土红松鼠大大减少了。灰松鼠携带一种自身能抵御但却会极大损害本土红松鼠的病毒。^[2]

对于尼安德特人比起现代人类处于竞争劣势这一论述，我们听到一些蠢得可笑的批评，说是这一论述有种族主义的立场。很奇怪的是，说一个50万年前从现代人类中分离出来的一个群体（一般都认为那是一个不同的人种）有某种生物学上的劣势是过分的，哪怕我们现在就在这儿而尼安德特人早已消失。为了这事，我们看到有人争辩说，有些基因是从远古人类中甄选出来的这一论述是种族主义的，而另一些人说人类没有选取任何尼安德特人的基因这一论述是种族主义的。

尽管考古学证据指出，在现代人类取代尼安德特人的过程中，两者并没有很长时间地在某一个地方共存过，但还是有一些理由相信两种人类群体曾经接触过。在一些地方，特别是在法国中部和西南部，以及西班牙北边，我们找到一种距今35000年到28000年的工具传统（夏特佩赫农时期工艺）；这种传统看起来像是混合了尼安德特人的一些技术（穆斯特文化时期工艺）和一些现代人类的技术（奥瑞纳文化）。“夏特佩赫农”这个名字来自与Grotte des Fées洞穴（精灵洞穴）所在地邻近的法国夏特佩赫农小城。夏特佩赫农土壤沉淀中含有尼安德特人穆斯特工艺中典型的燧石芯，混合了更晚近的技术。其中一种典型的工具是一把单刃的燧石刀，它和奥瑞纳时期工艺中的双刃刀截然不同。更重要的是，有许多人类骨架是和从事夏特佩赫农时期行业相吻合的，并且它们都是尼安德特人的。这有力地证明了不同人类群体间的互动，互动的程度足

够尼安德特人向现代人类学到一些有用的技术。如果是这样的话，我们可以了解一点尼安德特人的认知能力，主要是他们不可能在认知能力上远远落后于现代人类。至少，他们学习新东西的能力也比黑猩猩好得多。

这些人类群体间的互动有可能有重要的结果。熟络或许会滋生轻蔑，但不熟络的话就是什么也没有了。

“大爆炸”

斯坦福大学人类学家理查德·克莱因（Richard Klein）认为：“在旧石器时代晚期，人类行为展现出考古学记录上有可能显示的最根本的转变，摒弃了那些考古学能探测到的早期发展的人类特征。”^[3]

他不是开玩笑。考古学记录显示旧石器时代晚期，或说旧石器时代的最后阶段，和此前的任何时期都有本质的不同；现代人类在距今三四万年前取代尼安德特人，这一阶段是前者造就的。随着现代人类在欧洲出现，创新遍地开花。

许多标志着这一“伟大跃进”的特征都让人印象深刻，包括岩画、雕刻、珠宝和大大改进的工具和武器。其中一些为人类群体的日常生活带来了巨变，但从我们的角度来说最重要的是，这些特征显示了人类发明创造能力非凡的增长。

更重要的是，这些创新表明深刻的社会和文化变革正在发生。我们开发出新的工具的同时也发展出新的社会组织：这个时期的长矛尖端和刮削器通常是由几百英里以外的材料制作的，这些材料必然是通过贸易和交换取得的。在此之前，工具几乎全是用本土材料制作的。我们同时也看到文化差异的开端，工具和武器开始呈现出不同区域的式样。

在这个阶段，人类（无论如何至少是他们中的一部分）和他们即便是两万年前的祖先的行为有很大不同。创新的火花把他们带向各个不同的新方向。我们不是说随便一个张三、李四都是创造者，但至少有些人在提供一些新想法，而且可能是比之前时期多100倍地提供新想法。问题很自然是：为什么？看起来好像不是说当一个起源于非洲的现代人类（在解剖学上算是现代人的祖先）本身就足够去引发这个改变。在澳大

利亚我们就没有发现这样的革新浪潮。在非洲一定发生了什么重要的、基因上的改变，使得现代人类能够走出非洲，并取代其他古老的智人种类。行为上完全的现代化也并非同时在所有地方发生，因此明显地还涉及更多方面的变革。所以，成为“解剖学上现代”的人类对于完全的人类行为现代化来说只是一个必要条件，而非充分条件。

一般来说，行为必须有身体的基础：生物特征划定了文化的范围，因此不管那些骗人的图画怎么宣传，你不可能教一只狗玩扑克。我们有充分的理由相信，早在伊米亚间冰期（大约125000年前的间冰期），人类的生物特征还不足以发展出农业。没有任何一个地方在伊米亚间冰期产生出农业，但在全新世（开始于1万年前）的最近一次间冰期以来，至少有七次独立的农业发展。不仅如此，在伊米亚间冰期，生物特征甚至不允许解剖学上现代的人类从非洲迁徙到更凉爽的地带。当时出于某种原因，生物特征限制了人类制造出投枪或弓箭，或缝衣作画，尽管这些在现今的狩猎兼采集者群体中是再日常不过且被高度重视的事情。那时的人类与现在不同，在生物特征上非常不同。

遗传改变使得在公元前4万年的人类能发展出一些在公元前10万年无法实现的进步。同时，其他一些遗传改变可能是之后文化发展的必要先决条件。这里我们认为旧石器时代晚期发生的剧烈文化变革，常被称作“人类革命”“文化爆炸”或者（我们最喜欢的）“大爆炸”，主要是由生物特征的改变引起的。

这不是我们发明的理论。理查德·克莱因曾说过，基因突变肯定是文化复杂度突然剧增的原因。[\[4\]](#)我们对他的观点的主旨完全同意，只不过我们相信这样剧烈的变化很可能牵涉大量的基因，因此应该有一种机制导致了这种罕见的遗传剧变。事实上，我们的确知道这样一种机制，以及让这种机制恰好在人类革命的时段发生的必要条件。

更新与进步

那么，旧石器时代晚期到底有什么创新，使得人们称之为革新变化的时代呢？首先，我们发现了新的工具，以新材料通过多个精细步骤制造。现代人类仍然使用石头，虽然他们的制造工艺已经变得更复杂和高效；但跟尼安德特人不同的是，他们还经常使用骨头和象牙。他们还使用从遥远地区开采的特定种类的高质量石材，有时甚至出产自数百英里之外的地域，显示出贸易的迹象。出现了新式的轻便、高速武器，例如标枪、投掷镖，最终发展出弓箭。这些远程武器在猎杀大型猎物的时候，比起用从前猎人们的长矛更为安全。这个时期现代人类留下来的骨架不像尼安德特人的那么残破；这些武器无疑也被用于战争和防御，但它们主要还是用来狩猎，带来的好处包括丰富了现代人类的食物来源。

现代人类不仅像祖先一样捕猎大型野兽，还会抓小动物和鱼类。这种更多样化的食谱（也许还有更安全的狩猎方式）带来了更大的人口密度，这一时期的考古遗址中，现代人类留下的要比尼安德特人的多出好几倍。现代人类会使用新发明的工具比如鱼钩、渔网和多个倒钩的鱼叉来抓鱼。渔网见证了另一项技术革新，即用植物纤维制造篮子、织物、绳索以及渔网和罗网。

现代人类发明出保存食物的新方法，比如在永久冻土里挖掘干燥架和坑当作天然冰箱。他们比祖先更加高效地利用火，建造带有管道以更好通风的炉子，并开始把石头烧热来烹调食物。火还被用于其他更专门的目的，比如灯和陶像制造。

墓葬（有意的、有清晰证据作为仪式的墓葬）同样在旧石器时代晚期变得更为普遍。遗体通常有陪葬品相伴，包括工具、贝壳、个人的首饰，以及赭石。有时候，制作那些陪葬品需要耗费相当的人力。在莫斯科附近的索米尔，有些遗体穿着缀满数千颗象牙珠的衣服下葬，每一件都要费好几年的人工才能制成。这些物证显示了社会阶层分化出首领和

平民。这些复杂的墓葬跟尼安德特人的墓葬形成强烈对比，后者没有任何仪式性的迹象。我们在尼安德特人的坟墓里找不到武器或饰品。可能对于尼安德特人来说，埋葬不过是把令人不快的尸体处理掉的办法，而不是一种仪式，就像把死掉的金鱼倒进厕所里冲走。

现代人类开始建造比以前大型得多的遮蔽结构。在现今捷克境内的下维斯特尼采，考古学家发现五处建筑的遗址，均用猛犸象骨、石灰岩块建造，还打下了桩基，最大的一处建筑覆盖超过1000平方英尺（约93平方米）的面积。在俄罗斯和乌克兰，石灰岩洞等自然的遮蔽所稀缺，我们发现大量使用猛犸象骨建造的居所。建造这些房子肯定很费时费力：一处这种建筑使用了将近23吨的猛犸象骨。

以今天的眼光来看，旧石器时代晚期最令人惊异的变化是艺术的诞生。最引人注目的例子是岩洞壁画，主要发现于法国和西班牙。壁画的典型形象包括野牛、鹿和原牛等大型动物，但有时也出现狮子、熊和鬣狗等掠食者。这些用炭黑或赭石颜料描绘的壁画通常写实地勾画出动物形象。人类的形象虽然出现得也很早，却显得颇为奇特。

真正意义上的雕像首次出现也是在这个时期。最著名的一类“维纳斯”女像，例如出名的“维伦多夫的维纳斯”裸像，也许是原始的便携色情图像。研究者在下维斯特尼采发现了约29000年前的陶俑，远远早于世界其他地区发明陶器烧制技术的时间。



拉斯科洞窟壁画，约公元前14000年

旧石器时代晚期的艺术比起现代人类走出非洲以前制造的第一批象征物件，有了质的飞跃：试比较在南非布隆伯斯岩洞发现的公元前75000年左右的刻纹赭石^[5]（代表在非洲发现的现代人类扩张前最复杂的象征物件）和在德国发现的公元前30000年左右的猛犸象牙制狮头人身像。

融合

在工具、武器、狩猎方法和艺术方面的重大进步，以及这些进步所暗示的社会和文化变革，不可能无中生有地冒出来。旧石器时代晚期的进步表明，存在某种隐藏的机制，催生了剧烈的遗传改变，最终带来新的能力。我们相信这种隐藏的机制就是基因渗入——简单地说，从另一物种（这里是尼安德特人）移来等位基因。没有比这更快捷的获得新的、有用的基因的途径了。

在我们继续深入之前，必须承认这一理论还没有怎么被古生物学家和人类学家考虑过，主要因为他们对群体遗传学并不熟悉，而群体遗传学指出这种基因渗入是极其可能的。而且当大众首次听说这种理论时，他们很可能对其反感，因为尼安德特人常被刻画成落后、猿猴般的生物。

许多人反对现代人类和尼安德特人曾交配并繁衍后代的想法。他们直觉上认为现代人类和尼安德特人的身体结构必然极为不同，两者交配的话不会生出可生育的后代。他们说现代人类绝不会做这么讨厌的事情。他们还说就算这真的发生了，也是很稀有的事情，所以在生物学意义上是微不足道的。以上所说的都是错的，我们会逐一辩驳。

现代人类和尼安德特人有没有交配过这个事情，是一场耗时数十年的激烈学术争论的核心：我们的人种是多地区演化而成的，还是单一的非洲起源的？持多地区演化这一论点的学者认为尼安德特人是现代人类的直系祖先，^[6]而强烈认同单一非洲起源的学者则认为是作为不同人种的现代人类取代了尼安德特人。^[7]很快，在重要的现代人类“走出非洲”并扩散的遗传证据面前，答案变得很明显，但事实上新老两个人种之间的基因交换程度仍然没有得到足够的研究。许多争论都是关于尼安

德特人和现代欧洲人的身体结构是否有解剖学上的连续性，对此一个潜在的假设是可能会有某种程度的混合。我们对这个问题的理解，如下所述，是完全不同的。

种间繁殖能力

批评者的第一个观点是现代人类和尼安德特人是无法种间繁殖的。然而我们相信他们肯定能，因为这两个人种在非常晚近的时候才分离，大致在50万年前。没有任何灵长类在这么短的时间内能建立起生殖隔离。^[8]比方说倭黑猩猩，大概是80万年前从共同的黑猩猩祖先中分离出来，但这两个物种仍能繁衍可生育的后代。^[9]大多数哺乳动物的近亲物种能保持种间繁衍能力比这长得多的时间。^[10]有时候动物园管理员会非常吃惊地发现一只海豚和一头伪虎鲸生出了可存活的后代。^[11]也有一些传闻说甚至是五六百万年前就分离的不同灵长类谱系的物种间，都发现了成功交配的例子，但这些传闻都未经证实。无论如何，没有任何理由认为，在旧石器时代晚期尼安德特人和身体结构上属于现代人类的人种无法交配，以及无法繁衍可生殖的后代。

人兽交配？

至于说人不会希望跟如此不同的人种交配的想法，我们只能说目前可知的是人类甚至可以跟真空吸尘器、充气娃娃、马和印度河河豚享受性爱聚会。可以说是饥不择食。杰瑞德·戴蒙德（Jared Diamond）想起一个医生朋友，在治疗一个英语很有限的肺炎病人的时候，让他妻子问他有没有任何会导致肺炎感染的性经历。当这人清醒过来之后（他刚开始回答就被他太太揍晕了），他承认跟家里农场上的绵羊反复地性交。

关键的一点是，即便非常罕见的种间交配也是不可忽视，我们在后面会更详细地解说。如果有人想要证明尼安德特人和现代人类之间的种间交配在生物学意义上是微不足道的，那么他得证明这从来没有发生（而考虑到人类迁徙路线的记录这几乎是不可能的）。而只要这曾经发生过，那么基因渗入对人类发展可能已经产生了巨大的影响。



下维斯特尼采的维纳斯，已知最古老的陶器，约公元前27000年烧制



维伦多夫的维纳斯，约公元前23000年烧制



布隆伯斯洞窑的刻纹赭石，已知最古老的象征物品之一，约公元前70000年刻制



2S

许多研究者认为尼安德特人和现代人类之间的交配极其稀少，因此在生物学意义上并不重要，[\[12\]](#)但这种想法肯定是错的，因为它误解了自然选择的遗传学原理。有的人类学家研究过尼安德特人和现代人类的解剖细节后声称，在欧洲最早的一些现代人类身上发现了尼安德特人的特征，[\[13\]](#)但也有人对此持反对意见。

想象一下，人类偶尔跟尼安德特人交配，并且至少一些种间交配的后代进入人类群体生活。这样一个过程将新的基因变体、新的等位基因引进人类群体。这些等位基因的许多或者大部分会跟走出非洲的现代人类身上的等位基因发挥几乎同样的作用，它们并不比现代人类原本的等位基因更好或更差，也就是说，它们在自然选择中是中性的。来自尼安德特人的那些选择中性的等位基因会很稀少，并且很可能会消失，就像其他罕见的中性等位基因一样。

原因很简单：运气。当携带一个罕见的中性等位基因的人生出一个后代，该后代有50%的机会也携带那个基因。当他生出两个后代（一个稳定群体所需的平均数目）时，有25%的机会是两个后代都没有携带那个基因，在这种情况下，那个引进的基因就立刻消失了。一般地说，复制一个中性等位基因的后代数目在各个时段随机涨落，只要有一次这个数目为零，这个基因的命运就此终结。如果最初该基因的副本数量本来就低，那它就更有可能消失。即使有一两个中性的尼安德特人中性等位基因撞了大彩，最终在现代人类中变得普遍，也不会引起什么重大的变化，因为所谓中性，本来就是无足轻重的。对人类造成负面作用的尼安德特人等位基因自然会更迅速地消亡。但总有一些基因变体能带来生物

学上的优势，并且能很好地适应，它们的命运就完全不同了。

一个优势等位基因的关键特质是它的出现频率往往随着时间推移而上升，通常因为它以某种方式帮助携带者在生存中胜出。在一个稳定的群体中，这意味着下一代携带的基因副本数量（平均而言）超过上一代携带的数量。如果下一代携带的平均数量是上一代的1.25倍，那我们就说该等位基因有25%的选择优势。就有利等位基因来说，25%是一个很大的优势，尽管这种情况不是史无前例的。

一个优势等位基因的单一副本还是有消失的风险，并且很可能会这样。如果适应优势是10%，那么一个携带者在其他参数下稳定的群体中会有平均2.2个后代，而不是2个，那么仍有23.75%的机会在第一个下一代该等位基因会消失无踪。不过，这个等位基因的副本有一个办法生存下来：如果它的运气持续够久，副本会变得越来越普遍，最终普遍得不用再依赖运气生存；从那一刻开始，副本的数量就会稳定增长。

伟大的英国遗传学家霍尔丹（J.B.S.Haldane，1892—1964）发现了加总所有这些概率的系统方法，结果出人意料地简单：如果一个等位基因带来 s 比例的优势，那么它能够流传下来的概率就是 $2s$ 。在一个稳定群体里，一个具有10%适应优势的等位基因的单一副本有20%的机会最终变得普遍。

一个有利等位基因的单一副本的命运，就像一个拿一份筹码赌轮盘的赌徒。如果这个轮盘的确公平，他就是在跟概率搏斗。如果他能够有55%的机会押中红色或黑色，并且每次只下一注，那么他基本上会输个精光，但仍然有18%的机会赢得让蒙地卡罗的银行破产。这是从一份筹码开始的情况。如果他一开始就有二十份筹码，那么我们这位人见人爱的朋友就会有98%的赢面。

这就意味着，优势等位基因的一份副本比起中性等位基因的副本将会有更大的变成高频基因的可能性，以至于即使最初只有几十个半尼安

德特人的宝宝，几千年后现代人类也能普遍地从尼安德特人的优势基因中获益。

我们来举个例子。一个中性等位基因要通过漂移到群体中100%的表达，这一事件（称作“固化”）的概率是群体中该基因副本数量的倒数，也就是1除以群体中有生育能力的个体数量的两倍，因为每一个个体都携带两份基因副本。换句话说，每一份中性副本跟其他同一基因的中性副本达到高频率的机会是完全一样的。对于任何大小的群体而言，这种概率都是很小的，比如一个合理大小的人类群体大概有一万人，那么固化的概率就是两万分之一。而且这种漂移非常缓慢，需要数以万计的世代才能完成。

现在来考虑优势等位基因的情况。假设有一种新的基因变体的一份副本，如果这种新变体能影响免疫系统，使得携带者对某些通常会在儿童时期杀死群体10%人口的常见危险疾病免疫，那么这种新等位基因就有了10%的选择优势。它仍然有消失的风险，事实上，万一携带者不幸被猛犸象踩死，或者他或她的后代没有一个继承了这个基因，它就会消失。然而如果排除这些意外事件，该基因的副本数量将会增长。一旦副本的数目达到50或100份，该基因就很难被纯粹的概率抹除。从那一刻开始，它就会相当稳定地增长。该基因的一份副本有20%的机会变得壮大，从一个个体身上传播到人类整体的一大部分，只需要几千年，如果它的优势一直持续的话。换句话说，它达到“固化”的状态的概率是单一中性等位基因的4000倍，而且过程会快上许多。

如果一个优势等位基因是通过跟另一物种交配得来，而不是一个新的突变，很可能在相对短暂的时间里它会被重复引入，因为可以想见会有多次这样的种间交配。如果引进了十份副本，至少一份副本获得巨大成功的概率也就相当高了。

这一论证好像和常识不符。大家都以为谱系就像调色，如果你混合同样多的蓝和黄，就会得到绿色，而且保持绿色不变。如果一个群体有

90%的挪威人和10%的尼日利亚人，直觉告诉我们，9:1的比例会一直保持下去。但这种直觉并不可靠：如果你把这个群体放在非洲，尼日利亚人中流行的某些等位基因——抵抗疟疾或增加皮肤黑色素以防皮肤癌的等位基因——就会随着世代推移越来越普遍。最终群体中几乎所有人都会携带那些基因的尼日利亚变体。

同样道理，数万年前一丁点儿尼安德特人的血统加入现代人类，可以导致今天许多人，甚至可能是所有人都携带某些基因的尼安德特人优势变体。

这怎么发生的？

如果尼安德特人和结构上属于现代人的人种确实发生了种间交配，那么是在哪里和怎样发生的？

在更早期的原始人种之间肯定有过一些基因流动。毕竟，海德堡人（尼安德特人和结构上属于现代人类的人种的共同祖先）在约50万年前以某种方式在欧洲和非洲都定居了，后代间的交流肯定是可能的，即便只是偶尔发生。这种交流在大部分时候大概都很难发生，就因为撒哈拉沙漠，它在今天和冰期时都是有效的自然屏障。在历史上常常是沙漠的西奈半岛也可能是一道重要的屏障，因为它是唯一连接非洲和欧亚大陆的陆地通道。不仅如此，在非洲之外处于优势的尼安德特等位基因在非洲内未必是有利的，所以这些基因也未必就传播到了身体结构上属于现代人类的人种身上。

我们有理由认为大约5万年前扩张并走出非洲的现代人类发生了一些很重要的改变（比如说，他们大概习得了复杂语言能力）。在10万年前的早期现代人类的基因环境中并不特别有用的一个尼安德特等位基因，有可能反而对扩张并走出非洲的更高级的人群有用。

从逻辑推断，如果混合的确发生了的话，它一定发生在尼安德特人占领的区域，即欧洲和西亚。当现代人类扩张领域时，他们必然会反复地碰上尼安德特人群。两类人群在尼安德特人消失前共存了几千年，至少是在一些地区。这看起来就是法国和西班牙北部的夏特佩赫农文化出现地区的情形，在意大利也发现类似文化的迹象。如果曾经有贸易，或者人群间曾经有足够的联系得以传播工具制作技术，那么就会有因这种联系而产生的性接触。如果在未来我们能看到来自数量巨大的人类个体的巨大的遗传数据库，我们就有可能看到中性尼安德特基因的痕

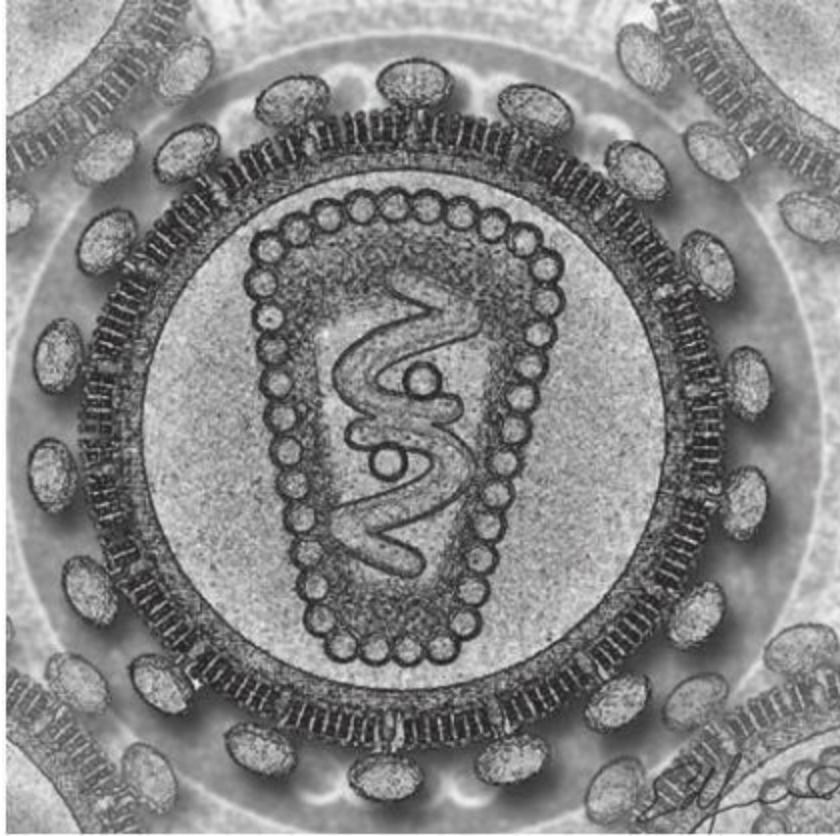
迹。[14]

如果我们能找到一些携带尼安德特线粒体DNA（mtDNA）或Y染色体的个体，我们就有可能判断种间交配大部分发生在尼安德特男性和现代人类女性之间，还是现代人类男性和尼安德特女性之间。比如说，我们如今做的这类例行分析就发现大部分墨西哥人的母系祖先是美洲印第安人，而大部分他们的父系祖先是西班牙人（简单说来这意味着西班牙探险者时不时和美洲印第安女性发生性关系）。在这一点上，虽然我们在现代人身上没有找到尼安德特人的Y染色体和线粒体DNA，我们也不能排除显著的基因渗入，因为现代人身上的尼安德特线粒体DNA和Y染色体很可能是中性的或是容易被删除的。在这两种情况下它们都很难留存至今，尤其是在基因流很小的情况下。这并不意味着我们没有集成任何有益的基因序列（见这一章后面的“遗传证据”部分）。

但我并不想当尼安德特人！

对于我们携带了一些尼安德特基因这个想法，人们总是有一些本能的反应。这也许是因为人们一般印象里尼安德特人是落后的，类似猿猴。虽然落后于时代，尼安德特人并不真的像猿猴一样；无论如何，看起来我们只吸收了他们最有用的特征，我们可以对我们的尼安德特祖先感到高兴，甚至自豪。再怎么说明，情况也有可能是更糟的，我们有可能从病毒身上拿到一些基因。事实上，情况也的确更糟，我们确实从病毒身上得到了基因。

大多数病毒〔它们基本上就是装满了DNA和RNA（核糖核酸）的袋子〕悄悄溜进细胞里并反客为主，大量复制并通常在复制过程中杀死寄主细胞。但一些RNA病毒（逆转录病毒，如艾滋病病毒）会复制它们自身的RNA进寄主细胞的DNA，然后，有时候它们会把这样的DNA整合进寄主细胞的基因组。如果逆转录病毒碰巧占领了繁殖细胞，那些产生精子或卵子的，那么这些逆转录病毒有可能真的会成为下一代的基因组的组成部分。这曾经发生过：有些逆转录病毒曾经复制自身进入人类基因组，人类有许多逆转录病毒的基因遗存。这些病毒感染的基因的残存部分看起来不会真的起作用，但有一些确实会。举例说，人类和猿类都含合胞素，源自我们的祖先大约3000万年前从逆转录病毒上得到的膜蛋白。它在胎盘发展中起了作用，特别是融合细胞层过程中的作用。如果有谁还过分担心自己有可能有尼安德特祖先，那么这人最好记住我们肯定还是从病毒遗传下来的。像通常一样，事实和我们的感受无关。



艾滋病逆转录病毒的程式化复制表达

基因渗入的例子

基因渗入不仅是一种理论，也是一种重要的进化力量：遗传学家知道在许多情况下基因渗入肯定曾经发生过。大部分被很好地理解的例子都和家养动植物有关，主要是因为对家养物种进行细致的遗传学研究有实际的经济原因。

基因渗入绝非少见，事实上在家养植物中它非常普及。举例说，用于生产我们每天吃的面包的麦子就来自三种不同的野草。可以证明基因渗透出现在苜蓿、大麦、辣椒、生菜、玉蜀黍（玉米）、马铃薯、水稻、黑麦、高粱和大豆等物种上，这还只是部分列表。但由于植物比动物更能承受复杂的遗传事件，如改变染色体数目等，可能家养动物的基因渗入才能形成一个更好的类比。

奶牛被驯化过至少两次，一次在中东（无隆肉的普通黄牛），一次在印度（有隆肉的垂耳瘤牛），也可能曾有在北非的第三次。黄牛和瘤牛在野外的祖先几十万年前分离成两个物种，然而它们的后代可以进行种间交配。在过去4000年，瘤牛的基因在非洲和西亚的黄牛群体之间传播。看起来一些瘤牛基因增加了对干旱和炎热的耐受性，以及对牛瘟（一种致命的牛科动物疾病）的抵抗力。这种基因渗透的模式我们相信肯定发生过的，这与现代人和远古人类（比如说尼安德特人）之间的基因渗透十分相似。



瘤牛



德克萨斯长角牛

关于野外群体适应性基因渗入的例子曾经很少见，但由于改进的基因测序技术，近年来发现和记录这类基因渗入变得越来越容易。我们现在有野生群体，例如豆娘、蚊子、湖鳟和欧洲野兔的适应性基因渗入的遗传学证据。最有意思的例子之一是一个（半）野生的群体，就是蜜蜂，在晚近演化过程中出现的基因渗入现象；特别有意思之处，是它们和人类演化的一些联系。

蜜蜂几百万年前起源于东非热带地区，随后在两次迁徙中扩张进入欧亚大陆。其中一种成了现在的西欧蜜蜂，另一种成了亚洲蜜蜂。住在温带的蜜蜂面临重大的新问题，其中最严重的是寒冷的冬天。很大程度上，它们是通过改变社会行为来适应新气候的。

它们需要选择能帮助它们抵御寒冷天气的筑巢地点，储存更多蜂蜜，形成过冬的蜂群，即蜜蜂密集地群聚在一起以保存热量。阿摩司·

扎耶德（Amos Zayed）和查尔斯·惠特菲尔德（Charles Whitfield）在他们2008年的研究中断定，蜜蜂所有蛋白质编码的基因中大约10%在适应过程中受到正选择。[\[15\]](#)蜜蜂的历史和人类的历史形成有趣的类比，两者都有夸张进入新环境并面对迥异气候的经历，随后都经历了强自然选择和适应。

类比不只这些。刚刚殖民美洲不久，欧洲人就引进了蜜蜂；这些蜜蜂在美洲适应得很好，一年中有数次聚成蜂群并从殖民者手中逃脱。然而，它们在新热带地区（也就是新世界中最不像欧洲的部分）适应得没有那么好。沃里克·克尔（Warwick Kerr），20世纪初的巴西遗传学家和蜜蜂饲养员，尝试培育一种能在热带地区繁殖得更好的蜜蜂。他用杂交技术使西欧蜜蜂和非洲蜜蜂交配。1956年，他的25只坦桑尼亚蜂后出逃并建立起自己的领地，而它们的杂交后代则传遍了南北美洲的大部分地区。这些非洲化的蜜蜂在温暖的气候中能产更多的蜂蜜，但同时它们也极富攻击性，常常攻击离它们的蜂巢太近的人和动物。它们被激怒的时候甚至可以追敌人一英里。在非洲，蜜蜂这种很高的攻击能力是适应性的，在那里它们没有被驯养。在那里，蜜蜂群体被蜜獾和其他天敌攻击，人类也不养蜂，而是偷袭蜂巢。

几乎所有非洲化的蜜蜂群体都带有非洲的线粒体DNA，但它们核基因组的相当一部分是欧洲的。这个欧洲部分在核基因组的编码区域比在没有编码的DNA中要多很多，这说明非洲化的蜜蜂成功选择了欧洲蜜蜂中适应性的等位基因，同时保留了能适应这种环境的非洲等位基因（其实就是大部分非洲等位基因）。这些没有编码的区域，大概是中性或接近中性的，以 $1/(2N)$ 的速度被整合进核基因组，而有利的编码基因则以 $2s$ 的速度被整合，就如上面曾讨论过的。有人提出欧洲线粒体DNA跟非洲核基因组遗传不兼容，这就解释了为什么我们很少找到带欧洲线粒体DNA的非洲化蜜蜂。扎耶德和惠特菲尔德的研究为“入侵群体可以适应性地利用杂交”这一论述提供了证据，而这非常合理。就好像非洲化蜜蜂从本地蜜蜂群体那合并了优势基因，我们相信现代人类也能从他们

的远古人类先驱那合并有利的基因，特别是从尼安德特人那儿。

许多适应性基因渗入的情况（比如那些不影响外貌的生物化学变化）都是隐秘的，而且事实上在现代分子研究方法出现之前根本没法检测到。当我们考虑化石证据的时候应该记得：大多数适应性遗传事件在骨骼上都没有呈现出什么迹象。然而在一些例子中适应性基因渗入有可见的效果，比如增加耐旱性的基因从犹他州的悬崖玫瑰传播到三齿苦木上面。有基因渗入的三齿苦木看起来更像悬崖玫瑰，也能在普通三齿苦木无法生存的地方存活。[\[16\]](#)在这个例子中带上渗入基因的群体外表上呈现出了基因渗入的影响，但更常见的情况是基因渗入的效果在有机体的粗略解剖结构上并不明显。

育种实验

应用遗传学家总在进行育种实验，通常是为了农业中实用的目的，常常也是为了研究，有时纯粹是为找乐子。在那些实验中，他们通常选择某种性状（或是故意选择缺乏某种性状）；也就是说，他们从那些这个性状特别高值和特别低值的个体繁育新一代。在几代以后那个性状的平均值变化了（或这个性状完全没有了），并可能最终达到跟最初的群体完全不一样的水平。如果你怀疑这一点，想想看吉娃娃狗最初是狼经历人工选择而成的。变化逐渐放缓（至少在小群体中是这样），选择的性状达到平稳状态。有时这是因为物种身体上已经无法承受更多的变化，但更多的时候是因为一个群体的遗传多样性已经被穷尽了。当数个不同的群体（都从同一个基础群体而来）都经历了选择而达到平稳状态，有时候饲养员会从中选取最好的两只进行杂交。这类努力有时候并没有成果，但有时候就会成功繁育出性状值显然更高的群体。

当然，生命本身就是一个育种实验。看起来好像非洲—尼安德特混交挺成功，反正到目前为止看起来是这样。

这里关键的一点是，只需要数量很少的种间交配，现代人类就可以选出具有几乎任何显著优势的尼安德特等位基因。有限的种间交配意味着当今人类身上的中性基因看起来会完全是非洲的（事实上也是），然而同时我们也可能携带了一些源自尼安德特人的有用的等位基因。这些等位基因是有意义的，是真的能起重要作用的。

这就提出了这样一个问题：尼安德特人到底有什么可提供的？普遍印象是尼安德特人是落后的，几乎是野蛮的，而且现代人类确实有许多尼安德特人不具备的能力。但从近10万年前的考古文物上看，很难看出尼安德特人的物质文化和非洲人的能有什么真正的区别，所以尼安德特

人不可能真的那么落后。

显然最值得盗取的是那些使携带者能适应欧洲当地情况的等位基因。那可能意味着，比方说，获得耐寒能力，抵御本土疾病，以及适应一年中白天长度大幅度波动的情况（和在热带一年中白天长度几乎没有变化的情形正相反）。这些类型的适应，伴随着现代人类对寒冷更复杂的和技术性的解决措施（比如说建造避寒的庇护所等），或许对人类能定居在遥远的北方并最终到达美洲起了重要的作用。

这些类型的转变（对当地气候和疾病的适应）非常重要，并显然对于人类在北方气候中繁衍生息是必要的。然而总体来说，这些并不是那么关键。显而易见的是，即便是企鹅都比人类对于寒冷气候要适应得更好。如果尼安德特人能提供的能力就这点，那种间交配这个问题确实也没有多重要。最重要的遗传变化必然是那些会转变人类思想，而不是那些单纯改变物理性状的。有一些关于此的论点认为尼安德特人在这一点上也有所贡献。

思想的变化

尼安德特人在欧洲的时候发展出了更大的大脑，正像现代人类在非洲时一样；在某种程度上亚洲的古人类也有这样的进步。更大的脑容量使前两种人类的体质都得到了增强，否则这样的变化就没有存在的价值。但在两个物种间可能有着功能上的差异。

智人和尼安德特人在生活方式上有着重大差异：尼安德特人进行高风险、高度协作的狩猎，比较像狼群；而非洲解剖学意义上的现代人类的饮食结构则更多样化，更像现在的狩猎兼采集者。这些差异意味着更大的尼安德特人脑子跟非洲人脑子或许是用来解决不同种类的问题的。纯属假设一下，尼安德特人用高风险的方式伏击大型猎物，有可能会得

益于想象和预测猎物反应的能力，姑且称为“动物心理理论”。尼安德特人体格强壮粗重，但他们狩猎的成功比起狮子或狼来更为依赖脑力。他们的智力使他们能够运用工具和武器来求生，但更大的脑子肯定还在别的方面帮助他们生存。比如说，更精确地猜到一头受伤的野牛的反应就能够救一个尼安德特人一命，使他不至于被牛角顶穿胸膛。一个物种在跟另一个物种打交道时有一套心理理论这种概念的确有先例可循：狗进化出了理解人类的能力，而狼就不行。[\[17\]](#)

不过，欧洲的尼安德特人也许会面临不少非洲人类同样需要处理的生活问题。在某种程度上，两个人群可能都用更大的脑子处理同样的问题。即便就是这样，我们仍然可以肯定这些问题不是以一模一样的方式处理的。演示自然选择如何运作的例子能阐明这个概念。让我们再想想人类对疟疾的适应这个例子。我们在非洲和东南亚的群体中同样看到血红蛋白变异〔镰状细胞及血红蛋白E（HbE）〕，但它们不是同一种变异。虽然两者都防御疟疾，但没有理由认为两种变异以同样的方式运作，甚至是以相近的方式运作。比方说血红蛋白E绝对比镰状细胞有更少的负面影响。

我们发现在人类对海拔的适应上有同样的模式。一方面，安第斯山脉高地的美洲印第安人有桶状的胸和挤满了红细胞的血液；另一方面，藏族人只有低得多的血红蛋白，但他们通过快速呼吸来吸取更多的氧气。两个人群都比平原人要更好地适应高海拔，然而藏族人的适应明显要更有效，因为他们的宝宝更加强壮和健康。适应依赖于有利变异的供给，而有利变异的产生是随机的。所以，两个不同人群在面对同样的问题时很有可能寻求不同的解决途径（不同的有利变异），而这些途径不一定同等有效。尼安德特人和解剖学意义上的现代非洲人类曾面临同样的情形并适应了那些情形，但两者不一定以同样的方式去适应，或不一定能以同等的效率适应。

正如我们在本书别处提到的，有时候人类特征的变异可以得到最好

的解释：这是一种有遗传学依据的选择性行为策略，当这种策略很罕见的时候，它运行得很好；而当采取这种策略的人多起来的时候，这种策略的优势也就消解掉了。例如，很多人会想到具有反社会人格的人（那些精心设计的背叛者，就像骗子）在数量很少时很容易发迹；但当他们变得常见、别人更加了解他们的时候，他们的日子就不好过了。[\[18\]](#)

有许多其他可能的替代性策略，而且很有可能尼安德特人拥有一些在非洲的现代人类从来没有的策略，从而在现代人类中间继续繁衍，特别是由于不断增长的创新已经撼动了社会。因此，也可能是这种情况，当现代人类北上与尼安德特人接触时，他们得到了解决许多问题的替代性策略；这些策略有遗传学的基础，不是通过观察习得的，而是通过基因渗入和自然选择实现的，取决于新的心理功能和认知过程。

适应度图景中的路径

另一个观点：在单个混合得很好的人群中可能不会发生的进化事件，在两个群体共同经历不断发展的自然选择中有可能会发生，因为分歧的路径可以同时被探索。自然选择是短视的：等位基因因为当前的优势而增加频率，而不是因为它们可能会有用。如果把一些问题可能的许多解决办法想象成许多个山头，山头越高这个办法越好。自然选择就会爬上它偶然碰见的第一个山头，而完全没法看到另一个长远来说有更大的可能性的解决办法。不仅如此，因为欧洲和非洲的环境完全不同，演化在欧洲尝试的解决方式有可能在非洲完全没法探索，因为在非洲沿着该路径走出第一步可能就会有负面效果。比方说，在欧洲你得担心保暖的问题，而非洲人面临的是热应激。这些问题在演化出更大的大脑的过程中都是重要考虑因素。有可能热应激在欧洲较低的重要性反而能开拓一些进化的路径，而这些路径会比在非洲发展出来的那些更有长期的潜力。

想想看技术史上的一个类比。回到古典时代晚期，用骆驼运货的方法变得完善，更好的驼鞍投入使用，比方说能更有效载重货的驼鞍。随后，在中东和北非的大部分地方，骆驼运输都是一种优越的陆路运输方式：它们比牛拉车要更经济，而且不必依赖路况。过了几个世纪，在可以使用骆驼的地区人们几乎完全放弃了带轮子的车辆和道路修缮。^[19]如今你仍然可以在阿拉伯世界一些城市最古老的城区看到这种影响，那里的小巷狭窄得没法通过一辆手推车或马车。没有骆驼的欧洲人只好一直用带轮子的车辆，考虑到所需的基础设施，那样显然要花费更多。但事实证明，带轮子的车辆和整个道路/轮车系统都可以被改进。当时骆驼交通看起来很完美，谁知道有一天会有马颈轭和马掌、改良的桥梁建设、降低路面震动的悬浮技术、机械化的道路、蒸汽动力、内燃机和终极的核动力迪罗伦时光机（也是轮车）。值得记住的一点是，有时看起来明显处于劣势的选择却有一个更好的升级途径，进化没法提前知道这一点，而我们自己也不太善于分辨。在遗传学层面这个论点可以这样说：自然选择可以在不同的群体中用不同的方式解决同样的问题，但当时看起来最漂亮的解决方案事实上长远来说未必是效果最好的。看似处于劣势的选择也有可能在今后拔得头筹。很容易想到一些貌似合理的例子，想想看，比如说，在非洲过度依靠自然热量的生产方式使得进化出更大的大脑的趋势有所限制，而在欧洲的热量条件下这一趋势不会受限。之后，当进化对更大的大脑的生理结构进行了微调，解决了大部分的热应激问题，新式的大脑也就同样得以在非洲流传开来。

为未来储备基因多样性

最后，我们应该考虑到即便是最低程度的尼安德特基因混合都会增加现代人类的遗传变异；那些得自尼安德特人的等位基因，即便在旧石器时代晚期并没有特别的优势，也有可能解决一些此后的适应性问题。我们现在知道，过渡到农业造成许多对农牧人群体的挑战，这些挑战导

致很强的选择压力。许多对农业的适应都有可能是新的变异的结果，但也有一些是利用了此前就存在的遗传变异，包括任何我们能从尼安德特人和古人类那里选取的等位基因。可以这样想，现代人类和尼安德特人都不适合农业和文明，所以非洲人也不会比尼安德特人携带更多预适应性的等位基因。对农业化的挑战的适应可以是来自两者中任一群体的等位基因的结果。

我们并非说尼安德特人有更高的竞争优势，毕竟，现在是我们在这里，不是他们。但在属于他们的大约两万个基因中，很有可能至少一部分是值得携带的。

尼安德特人和现代人类之间的种间交配不仅可能和有潜在的重要性，而且有证据证明那真的发生过。证据分骨骼证据和遗传证据两种。

骨骼证据

尼安德特人和解剖学意义上的现代人有许多身体结构上的不同，这我们之前也提到过。有一些身体结构的细节是特别和种间交配相关的。一个是“枕髻”，就是后脑隆起的枕骨；另一个是臼齿后空间，即最后一颗臼齿和口腔后部之间的间隙。这些特征在种间交配后生出的后代的现代人类中通常非常普遍，但随着时间推移，它们出现的频率也越来越低。[\[20\]](#)我们在旧石器时代后期现代人类的骨骼中没有发现尼安德特特征的前拉的脸，这印证了两种人类之间没有很大的基因流动的说法。复杂的颅面特征大概取决于许多基因的协同运作，所以如果在当时现代人类中尼安德特基因不常见的话，这些骨骼特征大概都不会出现。也有说法说一些早期的但肯定属于现代人类的骨骼带有一些显著的尼安德特骨骼特征。然而，这也可能只是晚近加入的基因的作用。[\[21\]](#)

我们认为骨骼证据提示说曾有显著的尼安德特基因混合，但我们同时也意识到这些证据本身并不是决定性的。考虑到协同进化的可能，情况就会比较复杂。其中的问题就是，骨骼特征和几乎其他一切特征一样，依据一定原因演化：它们以某种方式增加尼安德特人对周围环境的适应性。所以，一些类似于尼安德特人的特征有可能是克罗马依人（旧石器时代晚期解剖学意义上的现代人类的一支）身上独立演化出来的，因为它们履行同样的功能。另外，只有适应性的尼安德特特征才会通过基因渗入达到今日显著的频率。幸运的是，我们不仅有骨骼证据，而且正很快地获取关于这个问题的遗传学证据。

遗传证据

第一个尝试探究现代人类身上剩余的古代血统的研究，考虑了线粒体DNA和Y染色体。两者都很重要，因为它们各自继承来自父亲和母亲其中一方（Y染色体来自父亲，线粒体DNA来自母亲），而且它们都不重组。大量的样本研究都没有显示任何关于曾在古人类群体（比如尼安德特人）身上存在变异的证据。[\[22\]](#)也就是说，这个数据跟从其他古人类流动到现代人类群体的基因很少（或为零）这一说法是吻合的。如果尼安德特线粒体DNA和Y染色体不能很好地融进解剖学意义上的现代人的遗传背景中，并因而适应性降低的话，也会导致这样的结果。那样的话，它们可能随着时间推移慢慢减少，并在今天变得极罕见或不存在，即便它们曾经在现代人类身上是常见（但较少）的。

然而，许多近期研究提出证据表明，人类的确保留了远古人类的一些常染色体等位基因。[\[23\]](#)其中的一些检测的是我们的整个基因组，另一些着重研究一些特殊的不常见的基因。

V.波拉诺尔（V.Plagnol）和J.D.沃尔（J.D.Wall）发现，在人类基因组内的SNP（单核苷酸多态性，或染色体间的单碱基差异）之间的连锁不平衡（即染色体破碎和改组的历史）模式，不应该出现在一个非结构化的古人类群体中；估计欧洲人和撒哈拉以南非洲人约5%的遗传变异源自古代人类，比如尼安德特人。[\[24\]](#)这个发现很有意思，它提出的证据说明在非洲人身上和欧洲人身上差不多有同等程度的基因渗入。如果源自尼安德特人或其他东方的远古人类的等位基因具有进化优势而且传播较广的话，这就是很可能出现的结果。也有可能是在非洲某地有许多重要的远古人类。有一些明显是属于古代人类的遗传变异只在俾格米人身上出现，说明了其非洲起源。在东非大裂谷西边的大部分地方都不利于

化石的生成或保存（比如黑猩猩就几乎没有化石记录），在非洲地图上的这些化石空白区很可能存在过除了解剖学意义上的现代人以外的人属群体。这些等位基因中的一些很频繁地出现在当今人类身上，但因为总体来说混合的程度大概很低，所以或许它们提供了一种适应性的优势，即它们是适应性的。

芝加哥大学的埃文斯（P.D.Evans）和他的同事研究微脑磷脂（microcephalin）基因（MCPH1），一种调节大脑大小的不常见的基因。[\[25\]](#)他们发现当今的大部分人携带该基因的一个比较一致的版本，说明它是晚近起源的。同时，这个版本和在当今人类的同一位点上发现的更多样化的其他版本都很不一样，这些其他版本都有许多单核苷酸差异。不仅如此，当我们在同一位点发现同一基因的许多不同版本的时候，我们通常会发现许多重组（即来自染色体偶然的破碎和重组）带来的中间版本。然而在微脑磷脂位点的这个不常见基因（称作D，“衍生的”），它的重组版本非常罕见：就好像这个常见的、高度一致的微脑磷脂版本在人类身上没有存在到足以获得重组的长时间，即便它在许多人类群体身上出现了高频的其他版本。研究者估计它大概在37000年前出现（正负几万年）。如果它的确是那个时间段出现的，那么尼安德特人确实是一个合理（事实上很可能）的来源。

另一个有趣的可能来自尼安德特人的基因是FOXP2，一个对语言起重要作用的基因，大约42000年前被一个新的变异版本替代。[\[26\]](#)这从演化角度是一个很晚近的时间，而且有证据证明同一版本的这个基因也存在于尼安德特人身上。[\[27\]](#)如果新的FOXP2等位基因在现代人类身上真的很晚近才出现，那有可能是迁徙的人类从尼安德特人身上得到的，因为算来这是他们扩张并走出非洲遭遇尼安德特人的时间。想到我们的语言能力可能部分来自尼安德特人这或许很让人吃惊，但这并非不可能。取得这个等位基因的时机跟“思维爆炸”的时间确实是一致的。如果我们是真的通过基因渗入的方式从尼安德特人身上得到的FOXP2，那么它在尼安德特人身上应该会更久并拥有更多的变体。在尼安德特人留下的骨

骨骼残留物上更多的测序工作应该会最终确定或排除这个可能性。

如果FOXP2真的是一个“语言基因”，而且是欧洲和亚洲北部的现代人类思维爆炸的部分原因的话，那么这能解释关于现代人类起源的一个重要谜题。大约5万年前至少有两个现代人类分支走出非洲，其中一个北上到欧洲和中亚，另一个往东到印度洋一带，进入澳大利亚、新几内亚和大洋洲部分地区。往南印度洋迁徙的这一支没有任何思维爆炸的迹象，他们还携带并保留着相当于尼安德特人级别的技术和文化。[\[28\]](#)

结论

随着现代人类扩张并走出非洲，爆发了一场创新。在扩张之前，在非洲就有这类改变的迹象，然而在解剖学意义上的现代人类遭遇并取代尼安德特人之后，这一迹象大约两万年后在欧洲大大强化。从考古学记录上看，由创新过渡到全面的行为现代性不规则地发生在许多地方，之后最终在亚欧大陆的其他地区完成。我们提出的观点是，即便从尼安德特人（或其他远古人类）身上流向解剖学意义上的现代人类的基因流很有限，这也有助于现代人类获取大部分他们所需要的优势等位基因。我们相信这短时间内大量涌入的适应性基因组对“人类革命”所需的能力的贡献良多，我们也同样相信来自远古人类群体的基因渗入会被证实在现代人类起源的故事中有中心的地位。

所以截至大约4万年前，人类在身体结构上和行为上都变得现代（这不是说他们就完全像今天的人们一样了）。他们有着比他们的祖先更为强大的创新力量，很可能得益于从他们的尼安德特表亲身上偷得的基因。文化改变的速度增长了几十倍，而当冰川后退之后新的机会涌现，改变的速度就更快了。

[1]Roy C.Anderson,“The Ecological Relationships of Meningeal Worm and Native Cervids in North America,”*Journal of Wildlife Diseases* 8,no.4(1972):304—310.

[2]Daniel M.Tompkins et al.,“Parapoxvirus Causes a Deleterious Disease in Red Squirrels Associated with UK Population Declines,”*Proceedings of the Royal Society,B:Biological Sciences* 269,no.1490(2002):529.

[3]Richard Klein,*The Human Career*(Chicago:University of Chicago Press,1999),524.

[4]Richard Klein,*The Dawn of Human Culture*(New York:Wiley,2002),270.

[5]Christopher S.Henshilwood et al.,“Emergence of Modern Human Behavior:Middle Stone Age Engravings from South Africa,”*Science* 295,no.5558(2002):1278—1280.

[6]Carleton S.Coon,*The Origin of Races*(New York:Alfred A.Knopf,1963).

[7]Chris Stringer and Peter Andrews,“Genetic and Fossil Evidence for the Origin of Modern Humans,”*Science* 239,no.4845(1988):1263—1268.

[8]D.Curnoe et al.,“Timing and Tempo of Primate Speciation,”*Journal of Evolutionary Biology* 19,no.1(2006):59—65.

[9]Hilde Vervaecke and Linda Van Elsacker,“Hybrids between Common Chimpanzees(*Pan troglodytes*)and Pygmy Chimpanzees(*Pan paniscus*)in Captivity,”*Mammalia*(Paris)56,no.4(1992):667—669.

[10]Trenton W.Holliday,“Speciation by Distance and Temporal Overlap:A New Approach to Understanding Neanderthal Evolution,”in *Neanderthals Revisited:New Approaches and Perspectives*,edited by T.Harrison and K.Harvati(New York:Sinauer,2006).

[11]J.Sweeney and T.Samansky,“Elements of Successful Facility Design:Marine Mammals,”in *Conservation of Endangered Species in Captivity:An Interdisciplinary Approach*,edited by E.F.Gibbons,B.Durrant,and J.Demarest(New York:State University of New York Press,1995).

[12]关于混合尼安德特人基因被认为不显著这一点，可见（举例）：Chris Stringer and Peter Andrews,*The Complete World of Human Evolution*(London:Thames and Hudson,2005)。或可见：Klein,*The Dawn of Human Culture*.

[13]Milford Wolpoff et al.,“Modern Human Ancestry at the Peripheries:A Test of the Replacement Theory,”*Science* 291,no.5502(2001):293—297.

[14]可以想到的就有芝加哥大学的玛莎·汉博林和安娜·迪·里恩佐在少数意大利人身上发现的达菲（Duffy）血型基因附近一个区的极端特殊形式，与我们在所有其他人类身上看到的都很不一样。M.T.Hamblin and A.Di Rienzo,“Detection of the Signature of Natural Selection in Humans:Evidence from the Duffy Blood Group Locus,”*American Journal of Human Genetics* 66,no.5(2000):1669—1679.

[15]Amos Zayed and Charles W.Whitfield,“A Genome-Wide Signature of Positive Selection in Ancient and Recent Invasive Expansions of the Honey Bee *Apis mellifera*,”*Proceedings of the National Academy of Sciences* 105,no.9(2008):3421.

[16]H.C.Stutz and L.K.Thomas,“Hybridization and Introgression in *Cowania* and *Purshia*,”*Evolution* 18,no.2(1964):183—195.

[17]Brian Hare et al.,“The Domestication of Social Cognition in Dogs,”*Science* 298,no.5598(2002):1634—1636.

[18]Henry Harpending and Jay Sobus,“Sociopathy as an Adaptation,”*Ethology and Sociobiology* 8,no.3(1987):63—72.

[19]Richard W.Bulliet,*The Camel and the Wheel*(Cambridge:Harvard University Press,1975).

[20]David W.Frayer,“Evolution at the European Edge:Neanderthal and Upper Paleolithic

Relationships,”*Préhistoire Européenne* 2(1993):9—69;David W.Frayer,“Perspectives on Neandertals as Ancestors,”in *Conceptual Issues in Modern Human Origins Research*,edited by G.A.Clark and C.M.Willmermet(New York:Aldine de Gruyter,1998),220—234.

[21]Cidália Duarte et al.,“The Early Upper Paleolithic Human Skeleton from the Abrigo do Lagar Velho(Portugal)and Modern Human Emergence in Iberia,”*Proceedings of the National Academy of Sciences* 96(1999):7604—7609;Eric Trinkaus,“Early Modern Humans,”*Annual Review of Anthropology* 34(2005):207—230.

[22]D.Serre et al.,“No Evidence of Neandertal mtDNA Contributionto Early Modern Humans,”*PLoS Biology* 2,no.3(2004):313—317;M.Currat and L.Excoffier,“Modern Humans Did Not Admix with Neanderthals during Their Range Expansion into Europe,”*PLoS Biology* 2,no.12(2004):e21;T.D.Weaver and C.C.Roseman,“Ancient DNA,Late Neandertal Survival,and Modern-Human–Neandertal Genetic Admixture,”*Current Anthropology* 46,no.4(2005):677—683.

[23]Daniel Garrigan et al.,“Deep Haplotype Divergence and Long-Range Linkage Disequilibrium at Xp21.1Provides Evidence That Humans Descend from a Structured Ancestral Population,”*Genetics* 170(2005a):1849—1856;Daniel Garrigan et al.,“Evidence for Archaic Asian Ancestry on the Human X Chromosome,”*Molecular Biology and Evolution* 22(2005b):189—192;J.Hardy et al.,“Evidence Suggesting That *Homo neanderthalensis* Contributed the H2MAPT Haplotype to *Homo sapiens*,”*Biochemical Society Transactions* 33(2005):582—585;Vincent Plagnol and Jeffrey D.Wall,“Possible Ancestral Structure in Human Populations,”*PLoS Genetics* 2(2006):e105;P.D.Evans et al.,“Microcephalin,a Gene Regulating Brain Size,Continues to Evolve Adaptively in Humans,”*Science* 309,no.5741(2005):1717—1720;P.D.Evans et al.,“Evidence That the Adaptive Allele of the Brain Size Gene Microcephalin Introgressed into *Homo sapiens* from an Archaic *Homo* Lineage,”*Proceedings of the National Academy of Sciences* 103,no.48(2006):18178.

[24]Vincent Plagnol and Jeffrey D.Wall,“Possible Ancestral Structurein Human Populations,”*PLoS Genetics* 2(2006):e105.

[25]Patrick D.Evans et al.,“Evidence That the Adaptive Allele of the Brain Size Gene Microcephalin Introgressed into *Homo sapiens* from an Archaic *Homo* Lineage,”*Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 103,no.48(2006):18178.

[26]Graham K.Coop et al.,“The Timing of Selection at the Human FOXP2Gene,”*Molecular Biology and Evolution* 25,no.7(2008):1257.

[27]Johannes Krause et al.,“The Derived FOXP2Variant of Modern Humans Was Shared with Neandertals,”*Current Biology* 17,no.21(2007):1908—1912.

[28]James O’Connell and James Allen,“Dating the Colonization of Sahul(Pleistocene Australia—New Guinea):A Review of Recent Research,”*Journal of Archaeological Science* 31,no.6(2004):835—853.

第三章 农业：重大的变化

有利的变异不常出现，而且确实出现的那些也常常丢失。在旧石器时代规模很小的人类群体中，确立此类变异一般需要几万年时间。这倒不是说有利变异需要如此长的时段去传播，问题是它们的出现和确立需要太长时间。

然而随着人类群体的增大，尤其是随着农业的到来，有利的变异出现得越来越频繁。6万年前，在人类扩张并走出非洲之前，大约有25万现代人类。在青铜器时代，即3000年前，这个数字大约是6000万。此前每10万年才出现的有利变异，如今每400年就会出现。

大概人们会认为一个有利突变在数量如此大的人类群体中传播，会比在旧石器时代那样的小数量人口中传播要花更多时间。然而，一个占优势的等位基因在混合良好的人类群体中会随着时间发生指数级增长（这还挺像流感的），所以它在一个一亿人的群体中传播，只需要比在一万人群体中传播多花一倍时间。

农业加诸人类一种新的生活方式（新的饮食、新的疾病、新的社会和由长期规划带来的新优势），而在很长的岁月中作为觅食者的人类对此只能很勉强地适应。与此同时，农业也带来了极大的人口扩张，这使得适应性突变的数量极大增加了。^[1]所以说，农业带来了很多问题，但它同时创造了更多新的解决方式。早前的创新也曾使人口增长并加速人类演化，但农业有强大得多的影响，并有自己的独特之处。

增长的人口规模自然而然会引发新思想的产生。在同等条件下，更大规模的人类群体会比小群体产生更多的新想法，这些新想法即便在大规模人类群体中也传播迅速。在《枪炮、病菌与钢铁》（*Guns,*

Germes, and Stell) 中, 贾雷德·戴蒙德 (Jared Diamond) 曾有此观点: “更大的区域或人口数量意味着更多潜在的创造、更多相互竞争的社会、更多可采用的创新以及更多采用和留存创新的压力, 因为那些没有好好这样干的群体都被对手干掉了。”^[2] 我们如今把这个观点往前发挥一些: 更大的人类群体会有更多的遗传学上的创新。

这是近代人类演化的新图景。它揭示了在可记录的历史时期, 人类不仅在文化上改变了, 同时也有遗传学上的改变, 而我们在理解历史事件的时候必须考虑这类变化。这个观点有深远的含义: 如果它是正确的话, 那么它意味着世界不同地域的人类演化的方式是不同的, 因为他们不同时期采用的是不同形式的农业, 有些甚至从未进入农业生活。

由于遗传改变是不均一的, 不同地域的人类群体间有了遗传学上的差异, 而有时候这种遗传差异会转变为竞争优势。我们认为这类竞争优势在人类迁徙和人口扩张中起了作用, 因此它在解释当今的人种和语言分布的时候也是很重要的。事实上, 历史看起来越来越像一部科幻小说, 在其中突变物种不断地兴起和取代正常人类, 有时候悄悄地进行 (这些突变物种不过是存活下来), 有时候作为征服者群体。

很可能人类群体对农业的演化回应影响了认知特征和性格特征的分布, 而这些改变对文明的诞生、科学和工业革命都是至关重要的。

创造舞台

当大约公元前10000年的冰期结束的时候，世界变得更暖和潮湿，气候也更稳定。二氧化碳含量上升，植物的生产率也提高了。这就为农业的出现创造了舞台，而此时演员们也准备就绪。

虽然此前也有许多间冰期，但早期人类却从未在那些时期发展出农业。我们猜测是智力水平的上升使农业的出现变得可能，但路径却是曲折的。比方说，发明出更好的武器和狩猎技术，或使得人类能更好食用植物的那些技术，都可能导致重要猎物的数量降低或消亡，从而使得他们在从事农业之外的其他重要的选择消失了。

农业最早出现在亚洲西南的新月沃土。至大约公元前9500年，最早的种植作物出现了：起先是大麦和小麦，随后是豆类，比如豌豆和扁豆。^[3]农业从那里向四面八方传播，在大约公元前7000年到达埃及和西印度，并逐渐蔓延到欧洲和印度。大约在公元前7000年，米和粟开始在中国种植。动物的驯养大致也是这样一个时间表，最早在中东实现。山羊大约在公元前10000年在如今的伊朗地区被驯养，绵羊大约在1000年之后在如今的伊拉克地区被驯养。而大约同在公元前6000年，如今我们熟知的欧洲公牛在中东被驯养，瘤牛在印度被驯养。

在世界其他地方，农业到来的时间要晚些。有时它是通过农民群体的地理扩张传播的，有时是狩猎兼采集者采用了一些现成的农业方法得以发展出的，有时是狩猎兼采集者独立发明出他们自己的农业形式。在欧洲，农业的传播得益于中东移民和本地欧洲人学习种植中东作物，例如大麦、小麦。在撒哈拉以南非洲，地理屏障和气候差异使得大部分中东谷物和驯养动物无法落户。在那儿农业大约在公元前2000年才出现，主要依靠种植本土作物，如高粱属的植物和薯类。美洲情况类似，美洲

印第安人也曾几乎与世界其他地方完全隔绝，只能种植他们自己的作物。（然而这些作物中的一些，例如玉米和马铃薯，跻身于当今世界最重要的农作物之列。）

农业包含了自现代人类扩张并走出非洲以后最重要的一系列创新，也带来了人类饮食、疾病发生和社会结构方面的种种改变。另外一个重要的结果，有重大演化意义的结果，是巨大的人口增长。人类数量在人类行为现代化出现之后就不断增长，这有可能是因为人类抵达了远古人类没法居住的地方：迁移到亚洲的北部，跨洋前往澳大利亚，以及跨越陆桥前往美洲；也有可能是因为食物生产技术的提高，比如网和弓的使用。一种有学术依据的猜测是100万年前世界人口大约有50万，包括了在非洲的解剖学意义上的现代人类和欧亚大陆上的远古人类（尼安德特人和经历演化的直立人）。大约12000年前，冰期结束的时候，大约有600万现代人类，它们仍然是狩猎兼采集者，但已经是比之前任何时期都更智慧和能干的狩猎兼采集者。

农耕使这一人口增长趋势更往前发展了，比起觅食，它每英亩多生产10到100倍的卡路里。从公元前10000年到公元1年，世界人口增长达到了百倍的数量级（估计值在40倍到170倍之间）。增长本身就改变了社会，有时候，量的改变本身蕴含了质的变化。而且就如我们前面提到的，更大的人口本身就是演化的重要因素。

农业的出现从很多方面改变了生活，但不是所有方面都很明显。它极大地改变了食物生产的途径，但食物的营养质量则不如狩猎兼采集者食用的食物。而且它没过多久就没法从物质方面提高生活的平均水平，因为人口增长带来的负担很快赶上了食物生产的增进。此外，更高的人口密度、定居生活和与家畜的近距离接触极大地提高了传染病传播的概率。

农业带来的定居生活方式使物质文明得以精细化。食物、住所和艺术品都无须考虑频繁迁徙的问题。生育后代的间隙时间可以缩短，因为

妈妈们再也不需要带着小孩子到处转移。不像觅食者所得到的食物，农业生活中的食物可以储藏，但储藏的食物也可能被盗取。人类开始财富积累，这就使得非生产者的精英人物可能出现，这在狩猎兼采集者群体中是不可想象的。我们着重说明，这些精英人物的出现并非基于社会需求，他们攫取权力只是因为他们能这样干。

定居生活的种种发展最终迎来了各地政府的诞生，以抑制地区暴力。想必这些政府这样做是为了从臣民那获取更多的资源，就如同农民们为牛去势一样。由于各个社会大致都符合马尔萨斯理论，即在高人口密度的时候，人均占有农产品的份额下降，最终也使得人口增长受限；同样的思路，当个体间暴力被抑制的时候，共处的局面最终会导致大部分的人口死于传染病或饥饿。

所有这些改变都产生了新的选择压力，这再次说明人类没有充分适应他们为自己创造的新环境，所以所有人类都处于适应的压力之下。因为是全新的环境，遗传学上的增进会相对容易找到，在这个时候增进对农业生活的适应肯定比想办法当更好的狩猎兼采集者要容易。现代人类努力适应狩猎兼采集的生活方式已有一个很长的历史时期，所以很可能适应这种生活的大多数可能性都已经被穷尽了。适应农业生活是可行的，不过一如既往，这需要实质性的遗传学改变。

遗传学上的响应

当农业刚刚兴起，自然选择往往作用在已有的遗传学改变上；就好像在小规模的人为选择实验里，改变的只是现有等位基因的频率。

大部分已有的遗传改变形式必然是一些中性变异，其中每一个基因的中性变异都不会与其他显著不同。这些遗传变化可能会起一些作用，但这些中性等位基因都在干一样的事情。欧亚大陆上未来的农牧者会遇到很多问题，我们很怀疑这些中性的基因中的大部分最终能转化成解决这些问题的性能。更可能的是，先前存在的功能性改变更加重要。比如说，有一个基因，它的古老形式会帮助人们去保存盐。因为人类在历史上大部分时期都生活在温热地区，这个遗传改变普遍地起作用。然而在如今的非洲裔美国人中，这个古老基因的高频出现则很可能是这一群体日益增高的高血压风险的其中一个原因。事实上，在热带非洲，几乎每个人都携带这一基因的古老形式。在欧亚大陆，随着人们向北迁移，这一基因的一个无效变体（它真的啥也不干）变得越来越常见。[\[4\]](#)有可能这一基因在肌体中储存盐的作用在更冷的地区变得有害，因为人们更少地通过流汗流失盐分，它会导致过量盐分引起的高血压。

很重要的是，这个无效基因在欧洲和在东亚是一样的，这就说明它源自非洲而且古老。如果它是分别在欧洲和亚洲独立起源的话，我们就该在这两个地区看到它的不同变体，就如不同的不连续色素基因带来的两个地区的浅色皮肤。

对这个失效的盐分保存基因最合理的解释是：（在人类扩张并走出非洲之前）非洲的某些地区足够凉爽，在这些地方保存肌体盐分不是迫切需求，因而这个基因的一种不活跃的形式反而是有利的。这有可能在冰期的埃塞俄比亚发生过，想想看即便如今埃塞俄比亚高原的气候仍然

是温和的。如果情况就是如此，那么这个失效的等位基因就代表了先前存在的、由非洲之内环境变化引起的适应性变化，而不是中性变异。

另一种先前存在的遗传变异会带有平衡的多态性。当一个群体维系着同一个基因的两种不同的等位基因，平衡的多态性就会出现，而这种多态性之所以平衡是因为杂合的个体比同型结合的个体有更好的适应能力。杂合优势在比方说镰状细胞或疟疾防御中都会出现。也有一些等位基因在它们数量稀少的时候起到积极的效果，而其优势会随着数量增长而减弱，最终起负面影响（这称作频率依赖型选择）。其中一些最有趣的例子包括了可被博弈理论分析的行为。

一个有名的例子就是鹰鸽博弈，其中一些个体在遗传学层面上更具攻击性，而另一些则比较倾向和平。当鹰数量较少时，它们可以轻易击败鸽子并具有更高的适应性。而当它们数量多起来时，它们比较容易遭遇自己的同类，常常两败俱伤，适应性就降低了。在一定的数量比例时，鹰和鸽子的适应性是相同的，达到平衡的多态性。[\[5\]](#)

平衡的行为多态性对新的选择压力反应迅速。如果原先的数量比例是50%的鸽子和50%的鹰，那么当环境变化，攻击性行为的成本升高的时候，比例也会随之改变：比如说变成70%的鸽子和30%的鹰。这类演化变化是非常迅速的，特别是与新的选择性清除基因的演化变化过程相比，后者的出现本来就很罕见，并且要花上数千年才能达到20%或以上的数量比例。如果鸽子能得到5%的选择优势，那么数量比例从50%到70%可以在10代以内发生。

人类遗传变化在农业到来之前相当局限，部分是因为彼时人口数量少，同时也因为这些遗传改变没有用；许多被农业人口青睐的遗传改变事实上对他们的狩猎兼采集者祖先来说都是有害的。这意味着一些在农民身上有积极影响的等位基因在他们的狩猎兼采集者祖先们身上是极其罕见或不存在的。比如说，减低部分功能的G6PD（葡萄糖—6—磷酸脱

氢酶)基因的变体,它可以抵御恶性疟疾,但也有负面影响,尤其是对人类。如今这些G6PD基因的变体在疟疾盛行的区域有净正效应,在许多人类群体中也变得很常见。而当恶性疟疾传播以前,这些变体很可能在所有人类群体中起净负适应,所以会极为罕有。

所以,新的变异很可能在人类对农业的演化回应中起到主要的作用;而幸运的是,由于人口随着农业的到来而增长,大致在农业出现的时段这些变异的供应也大大增加了。我们不是说农业的到来从哪个深渊中召唤出了合适的变体,让人类适应事物的新秩序。变体是随机出现的,而且一如既往地,它们中的绝大部分含有中性或负面效应。但大的人类群体中有更多的变异出现,而其中一些是有利的。增长的人口带来了有利突变供应的增长,就如买更多的彩票会增加你的得奖概率。

大约5000年前有记录的历史开始的时候,新的适应性突变以巨快的速度出现,比在更新世时速度快了100倍。这说明了晚近人类进化在性质上不同于加诸于驯养动物上的人为选择。这是简单的规模问题。在人为选择实验中,通常只有不超过几十或几百个个体,所以很少出现有利突变,这就决定了选择必然主要依赖于原有的基因变化。在晚近人类演化中,大约有几百万到几亿个个体,他们全是潜在的变异者,所以大部分有利变体都是新的。

人们或许会觉得在农业条件下,已经很常见的等位基因比新的变体更容易成为高频出现的基因。该观点基于这样的理由:新变体最初只有单一的样本,所以会面对许多劣势。然而这样想就低估了这个变体对它的承载者以及承载者的后代所产生的有利影响。即便是一个有利基因的单一样本也有相当可观的机会可以流传下去(有5%进化优势的基因流传的概率是10%),它的指数增长更使它能够迅速传播。许多新变体出现在大的农业人口中,绝大部分的清扫基因一定都是新的。

农业出现后的人类演化过程不仅比人为选择实验涵盖了更高数量的个体,而且还跨越了更长的时段,它大约有400代,这个时间长度对于

以哺乳动物为对象进行人为选择实验来说根本不可能达到。而且这样的长时间段也会促成质的变化，因为新的变异有足够长的时间成为高频出现的基因，并在适应性变化中起关键的作用。

近期研究中发现了数百个正在起作用的清扫基因，它们几千年前就开始起作用，如今仍在继续。有一些等位基因已经成了固定存在的基因，但更多的则以中等频率出现，而其中最多是在部分地区存在的基因。它们中的许多是晚近出现的：在欧洲和中国的样本中，这些清扫基因起源的高峰是大约5000年前，而在非洲样本中是大约8500年前。有如此之多的清扫基因，事实上我们都可以进行一些统计研究了。通常我们对一个基因的功能能够有所了解，比如说，看看它在哪些组织中有最高的表达率，或者是看看当它被抑制的时候会有什么后果。通过这些信息，我们可以着手研究数百个正在起作用的清扫基因，看看它们正在干什么样的活。而当我们进行这一类研究的时候，我们可以看到大部分这些执行清扫功能的等位基因可以归纳为几个功能组：许多影响新陈代谢的变化，抵御入侵的疾病，影响繁殖，影响DNA修复，或作用于中枢神经系统。

吃什么决定了你是谁

早期的农民吃狩猎兼采集者不吃的食物，或者狩猎兼采集者偶尔食用的东西，并且早期的农民们并没有很好地适应这样的饮食。在欧洲和西亚，谷类成为饮食的支柱，主要是小麦和大麦，而在东亚，粟和米成为主食。这些早期的农民也种植其他农作物，比如豆类，他们也吃点肉，主要是驯养动物，但看起来碳水化合物的摄入比例在他们的饮食结构中大概3倍于从前，同时蛋白质的摄入量则非常差。^[6]摄入的蛋白质的质量也下降了，因为来自种植的食物氨基酸比例不尽如人意，而蛋白质就是由氨基酸组成的。几乎所有的肉类都有比较好的氨基酸比例，但植物通常没有；而试图通过氨基酸比例不良的食物来增进肌肉，就好比用混有过多字母Q和U的字母堆来做拼字游戏。（字母很多，但用得上的很少。）

维生素不足似乎也是这些早期农民的问题，因为新的饮食很少含有新鲜的肉类，而且主要依赖于非常有限的农作物。狩猎兼采集者很少会得维生素缺乏导致的疾病，如脚气病、糙皮病、佝偻病或维生素C缺乏症，但农民有时就会。有充足理由相信早期农民会因为低蛋白、缺乏维生素和高碳水化合物的饮食产生严重的健康问题。婴儿死亡率上升了，而糟糕的饮食很可能就是原因之一。可以从骨骼证据上清楚看出基因对环境的不适应。从事农业的人类身材也萎缩了，平均身高降低了将近5英寸（12.7厘米）。^[7]

早期从事农业者的骨头里有大量的病理特征。在美洲，玉米的传入导致大范围的牙齿退化和缺铁性贫血，因为玉米缺乏可供生物利用的铁元素。这可不是什么新说法了，许多研究者都曾撰文提及许多健康问题都源自农业的到来。^[8]我们的观点是，经过数千年，人类已经对这些新

的压力做出了回应。携带能应付这些新饮食结构的基因变体的人群拥有更多存活下来的后代，所以这些变体广泛地传播：农民们已经开始适应农业性的饮食。人类已经改变了。

我们已经开始获取关于这些饮食适应的详细基因信息，而适应新饮食结构的方式多种多样。一些被选择的等位基因似乎有更高的效率，也就是说，它们的携带者能从农业饮食中获得更多的营养。一个最引人注目的例子是令成人能够消化乳糖（奶中的主要糖类）的基因变异。狩猎兼采集者和一般的哺乳动物在幼儿期过后身体就停止合成乳糖酶（一种消化乳糖的酶类）。因为在更早的时期母乳是唯一含有乳糖的“食物”，年纪较大的孩子和成人身体合成乳糖酶也没有什么意义。而且年纪较大的孩子不能消化母乳，也就不会与刚出生的兄弟姐妹争抢来自母亲的营养，这也就少了其中一种手足相残的情形。而随着家畜的驯养，家畜的奶变得可以利用，而且对所有年龄的人类都有潜在的价值——前提是能消化。一种使得人类身体可以在幼年期后持续合成乳糖酶的变异大约在8000年前产生，并迅速在欧洲人中传播，在丹麦和瑞典甚至达到了95%的频率。在东非一些有抢刳牲口习俗的部落，具有相似效力的其他基因突变也变得常见（比欧洲晚了几千年开始），所以如今90%的图西族人都是乳糖耐受的。这些突变的传播速度相当快，而且它们一定是非常有利的。

当想到这的时候，整个过程其实相当奇怪：北欧人和撒哈拉沙漠以南的非洲人都成了“mampires^[15]”，即利用别的物种的奶生活的变体。我们觉得乳糖耐受突变在历史上起了很重要的作用，关于这个主题我们会在第六章做长篇幅的讨论。

一些基因改变大概弥补了新的饮食的不足。比如说，我们发现一些基因能影响输送维生素到细胞的过程。^[9]相似的，新饮食中缺乏维生素D也可能推进了欧洲和亚洲北部淡肤色的演化。当来自阳光的紫外线作用在人类皮肤上的时候，就能产生维生素D，一种挺奇怪的像植物一样

的方式一直在作用着。所以远离赤道、紫外线较少的地方，维生素D的合成自然就少。而因为新鲜肉类中含有充足的维生素D，欧洲的狩猎兼采集者或许就不会碰到缺乏维生素D的问题，即便是肤色比较暗也可以对付过去。事实上，事情应该就是这样，因为导致淡肤色的主要变异都源自农业起源之后。新的基于谷物的饮食没有足够的维生素D，而维生素D短缺带来的问题是很严重的，有可能导致骨骼畸形（佝偻病），对传染病的抵抗力减弱，甚至导致癌症。这或许就是自然选择青睐淡肤色变异的原因，因为这些变异使得在紫外线辐射很少的地区身体合成维生素D的能力增强。

除了淡肤色基因外还有一些其他的变异能改善新的不平衡饮食带来的那些糟糕的副作用。大量增加的碳水化合物摄入，尤其是那些能迅速分解和被吸收的碳水化合物，干扰了身体控制血糖的机能，而且似乎引起了代谢方面的一些问题，比如糖尿病。高碳水化合物的饮食很明显也引起了痤疮和牙齿退化，这两个问题在狩猎兼采集者身上都很罕见。更准确地说，两种毛病都由传染性的有机物引发，而这些有机物只有在高碳水化合物饮食出现的时候才开始肇事。

一些保护性的变化是以包含了胰岛素调节功能的新版本基因的形式出现。研究人员在冰岛发现了一个调节血糖水平以防范糖尿病的基因的一些新变体。^[10]这些变体在不同的人群（欧洲人、亚洲人和撒哈拉沙漠以南的非洲人）身上起源的时间不同，但在每一个人类群体中这些保护性的变体存在的时间都大致和各自群体从事农业的时间一样长。饮用酒类也是新饮食的一部分，它带来许多不好的副作用，而在东亚就出现了强选择性的等位基因，目前已知它们能实质性地降低酒精中毒的风险。

很明显的，各个人类群体对农业饮食的演化响应是不一样的，因为不同人群在不同的时间和环境内开始了不同类型的农业。这种变化引起了对持续至今的农业性饮食的不同的代谢响应，这些响应有生物学上的

差异；但同时，对新饮食的响应也引起了对新社会的差异性响应。农业大约10000年前从中东开始，并花了大约5000年时间传遍欧洲。伊利诺伊州和俄亥俄河谷的美洲印第安人从事种植玉米的农业仅有近1000年时间，而澳大利亚原住民从来没有从事任何种植业。在冰期结束后短期内就开始从事农业的人群（比如中东人）的生活方式肯定非常全面地被改变了。而在农业历史没有那么长的地区，比如欧洲和中国，可预计适应性变化会出现得少一点，除非这些居民能从更古老的农业人群身上获得一些基因。而对于撒哈拉沙漠以南的非洲人群体和美洲印第安人群体，我们预计适应性变化会更加少，因为他们从事农业的时间更短，而与其他古老的文明社会也因为地理障碍而有基因隔离。而对于那些一直保持觅食的人类群体，我们预计他们身上不会出现这类适应性变化，尤其是对于那些与其他人类群体隔离开的觅食群体。

从来没有从事农业或只从事农业很短时间的群体，例如澳大利亚原住民或美洲印第安人，在食用西方饮食的时候都会出现特征性的健康问题。目前这类问题中最严重的是得2型糖尿病的高风险。当今人们的低运动量自然也导致这类健康问题，但其中遗传上对这类疾病的低抵抗力是很重要的部分：成天赖在沙发上的纳瓦霍人比成天赖在沙发上的德国人或中国人得成年发病型糖尿病的机会要高得多。纳瓦霍人的糖尿病患病率约为他们那些身为欧洲人后裔的邻居的两倍半；澳大利亚原住民的患病率约为其他澳大利亚人的4倍。我们认为这是对高碳水化合物饮食较低程度适应的结果。波利尼西亚人也容易得糖尿病（大约是欧洲人3倍的患病率），虽然他们也从事农业，种植作物如山药、芋头、香蕉、面包果和红薯。然而我们认为他们的例子也仍然符合我们对不完全适应的整体叙述。波利尼西亚人的适应会有所限制，因为他们的人口数量较少，因之保护性变异会以比较低的频率出现。此外，定居瓶颈以及与偏远波利尼西亚海岛人群的有限接触使得有利突变就算确实发生，其传播也会受到干扰。

我们对这种敏感性模式的解释有异于詹姆斯·尼尔（James Neel）提

出的著名“节约基因型”假说。根据尼尔的理论，前农业人群更易遭受饥荒，因此在现代环境下能致使糖尿病的新陈代谢特点，恰恰帮助了过去的人们渡过食物短缺的难关。[\[11\]](#)这种解释站不住脚。在欧洲和东亚农业社会中的底层人口遭受的食物短缺也常常导致生育率低于维持人口的水平，天灾更会使得整个国家甚至更大范围的地区粮食绝收。有时灾害带来的饥荒甚至导致大量的人吃人惨剧，例如在1315年至1317年之间北欧遭受的大饥荒中，很可能就发生过这样的情况。

从任何角度来看，狩猎兼采集者都应该比农民更不容易遭受饥荒，因为前者并不依赖于一小类驯化的植物品种（即使在好年份也会由于虫害或真菌感染而歉收），而且群体内部的暴力经常使得人口大大少于土地能承载的数量。[\[12\]](#)有政治组织的社会限制了暴力行为，但在马尔萨斯式的社会里，总有些什么会限制人口增长。就拿有政治组织的社会来说，更少人死于暴力的同时，更多人会死于饥饿和传染病。况且，狩猎兼采集者的社会一般不会划分出饱足的精英和饥饿的下等阶级，不存在那种几乎是保证人口的相当大部分必然遭受营养不良或饥荒的制度，而这种制度在农业社会里是非常普遍的。我们相信，基于对农业群体碳水化合物摄入稳定增长的演化反应的解释，比起那种认为狩猎兼采集者特别容易遭受饥荒的解释更有说服力，后者并没有任何事实作为支持。

大多数容易罹患2型糖尿病的人群同时容易发生酗酒问题，这并不是巧合。两种病症在生物化学的原理上并不相同，但两者都出于同样的原因：先前与农业饮食有限的接触，以及对这类饮食有限的适应经历。

酒与农耕息息相关。自从最早的农业出现以来，人类就一直在酿造含酒精的饮料：啤酒的历史大概可以追溯到8000年前。甚至有人提出，大麦最初就是培植用来酿酒而不是用来做面包的。基本上，所有农业人群都发明出某种酒精饮料并且长期饮用。在这些长期接触酒精的人群中，自然选择必然逐渐使那些降低酗酒风险的等位基因变得更为普遍，因为酗酒无论在生理还是社会意义上都会带来不利后果。这一过程在古

老的农业群体中应该进展最多，且理论上在纯粹的狩猎兼采集者中间应该从未发生。

我们会好奇，为什么农业人群不是简单地进化出对酒精的厌恶。厌恶其实并不是好的对策，因为适量饮用传统的低酒精度饮料几乎肯定是有益健康的。饮用葡萄酒或啤酒的人能够避免不洁饮用水中的病原体，在高密度的人群中这些病原体是一种致命的威胁。因此降低酗酒风险的等位基因得以普及。

还有其他理由相信，一些几百代人都在喝酒的人类群体可能已经演化出降低酒精带来的其他风险的代谢变化。特别是孕妇饮酒可能对后代造成的破坏性影响：所谓胎儿酒精综合征（FAS），包括生长缺陷、面部异常和对中枢神经系统的损害。然而，FAS在一些人类群体中要更常见：美国的非洲裔或美洲印第安人群体患病率要比欧洲人高将近30倍，即便我们都知道比如说欧洲的法国人是常常要来上一两杯葡萄酒的。一些人类群体，比如说来自撒哈拉沙漠以南的非洲人，包括常驻者和散居其他地方的，都要比消耗相同量的酒精的其他群体的FAS发病率高。如果是这样的话，研究抵御性群体的防范FAS的等位基因，或许会对FAS综合征基本的生化机理有更好的理解。运气好的话，我们也许可以运用这类信息去降低易感群体的FAS发生率。

这种适应农业饮食的设想有两个重要的含义：一是如今不同人群对各种农业饮食的适应程度是不同的，取决于他们各自的历史和经历；二是人类群体必定随着时间改变。

比方说，肯定曾经有一个时期没有任何人是乳糖耐受的，而比那晚一点的时期乳糖耐受者的出现频率中等，而最后一个时期出现频率达到现代的程度。我们有关于这样的变化的确凿证据。在2007年的研究中，研究人员研究了7000至8000年前的死者骨骼的DNA。这些骨骼分别来自中欧和北欧，在这些地区乳糖酶持久性变体的出现频率为80%左右。而

完全没有任何古代北欧人有那样的等位基因。^[13]在另一项研究中，另一批研究者研究了青铜器时代晚期（约3000年前）中欧死者的骨骼。那个时期，从他们的样本判断乳糖酶持久性基因变体的出现频率大约为25%。^[14]这证明了乳糖耐受型出现的频率的确随着时间变化了，就如HapMap遗传学数据显示的那样。这个理论讲得通，但我们会一直期待有更多实验性数据去证实它。我们预计在未来几年中会出现许多相似的研究结果，是关于清扫基因正在发生的变化。

随着时间的推移，如果我们的说法是正确的，从事农业的人类群体应该在很多方面越来越适应农业饮食，我们预计某些生理应激性的骨骼标记将逐渐减少。虽然这类遗传适应很明显存在，但增进健康的文化变化还是必须有的。比方说，种植新的作物和运用新的处理食物的方式可以提高从事农业的人们饮食中的平均营养质量。当然，其中的一些新的方法（抛光大米）和新作物（甘蔗）事实上把事情越弄越糟。适应性变化缓慢而盲目，但同时也稳健有保障。文化变化就没那么可靠了。

但文化变化的确是很重要的。虽然许多传统的考古学家和人类学家大概觉得我们是一群生物学帝国主义者，解释发生过的任何事情都用我们宠爱的遗传学理论，但我们坚定地相信文化变化（新的思想、新的技术、新的社会组织形式）对历史过程有强大的影响。我们只不过想说全面的历史分析必须在社会、文化和政治变化之外同时考虑遗传变化。曾几何时，记录一串战争和国王们的更替就是不错的历史，但生活其实一直变得越来越复杂。

^[1]John Hawks et al.,“Recent Acceleration of Human Adaptive Evolution,”*Proceedings of the National Academy of Sciences* 104,no.52(2007):20753.

^[2]Jared Diamond,*Guns,Germs,and Steel:The Fates of Human Societies*(New York:W.W.Norton,2005),407.

^[3]Daniel Zohary and Maria Hopf,*Domestication of Plants in the Old World:The Origin and Spread of Cultivated Plants in West Asia,Europe,and the Nile Valley*(New York:Oxford University Press,2001).

[4]E.E.Thompson et al.,“CYP3A Variation and the Evolution of Salt-Sensitivity Variants,”*American Journal of Human Genetics* 75,no.6(2004):1059—1069.

[5]John Maynard Smith,*Evolution and the Theory of Games*(Cambridge:Cambridge University Press,1982).

[6]L.Cordain et al.,“Original Communication:The Paradoxical Nature of Hunter-Gatherer Diets:Meat-Based,yet Non-Atherogenic,”*European Journal of Clinical Nutrition* 56,no.1(2002):S42—S52.

[7]Jared Diamond,“The Worst Mistake in the History of the Human Race,”*Discover* 8,no.5(1987):64—66.

[8]Mark Nathan Cohen and George J.Armelagos,*Paleopathology at the Origins of Agriculture*(Academic Press,1984);Clark Larsen,*Bioarchaeology:Interpreting Behavior from the Human Skeleton*(New York:Cambridge University Press,1999).

[9]Benjamin F.Voight et al.,“A Map of Recent Positive Selection in the Human Genome,”*PLoS Biology* 4,no.3(2006):e72;Eric T.Wang et al.,“Global Landscape of Recent Inferred Darwinian Selection for *Homo sapiens*,”*Proceedings of the National Academy of Sciences* 103,no.1(2006):135—140.

[10]A.Helgason et al.,“Refining the Impact of TCF7L2 Gene Variants on Type 2 Diabetes and Adaptive Evolution,”*Nature Genetics* 39(2007):218—225.

[11]James Neel,“Diabetes Mellitus:A ‘Thrifty’ Genotype Rendered Detrimental by ‘Progress’?”*American Journal of Human Genetics* 14(1962):353—362.

[12]Lawrence H.Keeley,*War before Civilization:The Myth of the Peaceful Savage*(New York:Oxford University Press,1996).

[13]J.Burger et al.,“Absence of the Lactase-Persistence-Associated Allele in Early Neolithic Europeans,”*Proceedings of the National Academy of Sciences* 104,no.10(2007):3736.

[14]M.Fulge et al.,“Lactose Persistence in Prehistoric Individuals,”8th International Conference on Ancient DNA and Associated Biomolecules,October 16—19,2006,Lodz,Poland.

[15]这个词有可能源自vampire（吸血鬼），是作者创造的一个词。——编者注

第四章 农业的意义

农业重塑了人类社会，带来改变了我们的各种选择压力。这些变化包括了一些很明显的营养结构不良和传染病方面的新问题。另外还有微妙的心里和认知方面的变化，有一些最终引致重大的社会革新，甚至可能包括了科学的诞生。在这一章我们会探讨其中的许多演化回应。

传染病

饮食变化肯定不是农业带来的唯一变化。农业生活方式彻底改变了人类传染病，然而不是往好的方向。

农业生活方式带来的人口增长使人类日益群集，而农业本身使人们转向定居生活。堆积的垃圾和被生活废弃物污染的水源使传染病扩散。从事农牧业使人类跟动物共同生活。此前我们已经有虱子和肠道蠕虫来凑热闹了，现在我们还有了老鼠和田鼠，它们到处散播可怕的疾病，比如斑疹伤寒和腺鼠疫。

人类密度和病菌携带者的数量变化使得疾病的普遍程度有了质的变化，不仅旧日的传染病如今成了更严重的威胁，而且全新的传染病也相继出现。

大部分传染病都需要一定的人口基数，人口数量和密度低于这个基数的时候这些疾病无以为继。麻疹是一个典型的例子，它通常感染儿童，感染期在10天左右，病人在此后会得到终生免疫。麻疹病毒（副粘病毒）的存活取决于它们能不断找到未受感染的人，也就是更多没得过麻疹的孩子。麻疹只能在大数量、拥挤的群体中流传，如果人口数量太少或者居住太分散（比如住在一起的人群少于50万），那么麻疹病毒就没法及时找到足够未受感染的儿童继续传播，它们很快就会灭绝。这意味着麻疹（至少是我们今天知道的形式）在农业到来前不可能存在，因为世界各地都没有足够大的群居人口支持它的传播。（水痘病毒就不同了，病人痊愈后它也可以在神经系统中留存，并在晚年以带状疱疹的方式再度出现，让人非常痛苦。而孩子们有可能从他们祖父母那儿感染水痘，真是所谓的生命循环！由于水痘病毒的临界人口少于100人，流行病学家认为它或许已经存在了很长的岁月。）

农业的新生活环境带来的可不只是麻疹。许多狩猎兼采集者时代完全不存在的疾病如今也在繁衍生息。许多其实是已经存在的人类传染病的一些比较温和的变异版本，其他的则（大部分）来自动物，尤其是人类驯养的动物。再晚些时候，随着贸易和旅行的增多，不同文明间交换了许多本地疾病，带来了一些毁灭性的结果。

所以说，传染病给从事农业者带来的威胁要远远大于它们带给狩猎兼采集者的，这意味着在这方面农牧业者经历了更强的选择压力。他们最终演化出了比他们新时期时代的祖先更有效的抵御传染病的基因；而这些抵御机制也比狩猎兼采集者所拥有的要远远有效得多。

其中人们最了解的基因抵御机制是保护人们免遭恶性疟疾的机制。疟疾分许多种，而恶性疟疾是最致命的。增长的人口密度和刀耕火种的农业方式有利于这种疟疾以病毒形式传播。在非洲这一趋势尤其不乐观，在那儿更喜欢叮人（而不是叮动物）的蚊子演化了，更有利于这种致命疾病的传播。

在恶性疟疾流行了很长时间的地区（主要是旧大陆的热带地区），人们普遍演变出遗传抵御机制，而这些抵御机制的副作用可以解释大部分来自这些地区人口的遗传疾病。我们如今知道许多关于疟疾抵御的知识，因为它们会引起疾病，但更多的时间和努力被花在医学研究上而不是理解疾病的进化基础上。这也不足为奇，因为在热带地区这些疾病一直非常棘手。然而研究这些医学症状的根本机制也许是很值得的，在医学研究中加入关于演化的思考事实上很可能会有实际的回报。

最重要的抵御疟疾的变异是那些改变了红血细胞的一些特征的变异。这些红血细胞是疟疾寄生虫的首要目标，通常是些血红蛋白分子[例如镰状细胞血红蛋白（HbS）、血红蛋白C（HbC）、血红蛋白E（HbE）、 α 型和 β 型地中海贫血、美拉尼西亚卵形红细胞症和葡萄糖—6—磷酸脱氢酶（G6PD）缺乏症]。我们同样知道一些等位基因（比

如血型糖蛋白C在新几内亚的变体^[1]）几乎肯定能抵御疟疾，但同时又不会诱发明显的附带疾病。事实上，那些最广为人知的但同时会引发其他疾病的疟疾抵御机制（比如镰状细胞）显然只是冰山一角。

这些代价高昂的疟疾抵御机制（有严重副作用的抵御），远远比随机出现的变异引起的单一遗传疾病要更常见。大约4亿人（占世界7%的人口）患可能引起严重后果的葡萄糖—6—磷酸脱氢酶（G6PD）缺乏症。大约有25万儿童生来就有镰状细胞贫血症（这可是非常严重的），同时有大约2万男孩是生来就有假肥大型肌营养不良症，是最常见的细胞变异驱动的遗传疾病中的一种。^[2]

这些疟疾抵御机制变得常见，因为它们让携带者（携带一套基因变异体的人们）获得优势；然而，它们也会给携带两套基因变异体的人们带来各种麻烦（从温和的到致命的麻烦）。这是很独特的：我们很少见到其他功能上有如此残酷的适应性变化。比如，人类很少会有一种等位基因，让携带者跑得更快，却让携带两份的人变得跛脚。通常，基因以高效和协同的方式一起工作。我们认为这个例子中出现的遗传学上的混乱可归因为恶性疟疾并不是一种有很长历史的病症，这如今我们都很清楚了，它的历史可能短到只有4000年的程度。看起来抗疟疾的其他遗传抵御机制也是同样的。比如说，非洲主要的葡萄糖—6—磷酸脱氢酶缺乏症就只有大约2500年的历史，泰国的血红蛋白E病只有大约2000年历史。^[3]

针对恶性疟疾的适应是晚近而且是区域性的，出现在旧大陆的热带和亚热带地区：生活在亚欧大陆较冷的地区、澳大利亚和美洲大陆的人们要么从未接触过疟疾，要么是在更晚近的时期接触到。疟疾重塑了人类基因组，但只是在某一人群中。它一直是过去几千年中使人类群体产生差异的其中一种力量。

疟疾抵御机制只是一个更广泛分布的现象中的一个例子。近期的全

基因组扫描分析结果表明，还有更多疾病抵御机制引起的遗传改变存在。而同样的，这些适应性变化的程度在每个地区都是不一样的。

有时与病原体防御和免疫系统有关的新等位基因能迅速达到很高的频率，这样的例子我们见得不少。这些等位基因的功能包括产生抗体、控制白细胞攻击入侵有机体和受感染细胞、产生基因抵御病毒感染、与诸如幽门螺杆菌（引起胃溃疡和胃癌的细菌病原体）的病原体进行细胞间相互作用。再次强调，许多此类变化都是区域性的。但即便在我们开始发现这类新的抵御机制之前，很明显这类现象一定是存在的，因为一些人类群体曾比另一些更容易受到诸如天花和流感一类疾病的伤害。

是时候再来谈这老掉牙的论调，说人类群体间生物学意义上的差异是“肤浅的”，仅仅停留在表面，这是不对的。我们看到由基因引起的差异在各种功能上体现，而且此类差异中的每一种都重要到能引起适应性的显著提升（体现在后裔数量上）——否则它也不可能在区区数百万年间就达到很高的频率。它们绝不仅仅是引起诸如发色、肤色、鼻形等表面的变化，而即便明显只是表面上的差异，有时也会起重要的影响。其中一些差异绝非仅仅停留在表面或是不重要的，它们显著影响出现此类表征的人群，有时是以无法预料的方式产生影响。它们在历史进程中曾经有关键的影响，其中一些如今依然在影响着许多遗传事件的进程。

曾经历过不同生态史的群体会有不同的进化响应。以传染病为例，在旧大陆主要的几个人类群体聚集的中心地带，那儿的人群会演化出种种最强的抵御机制。与旧大陆上传播的疾病隔绝的人类群体则无从演化出此类保护机制。

比方说，美洲印第安人就只经历过很少的传染病。其他与旧大陆隔绝的群体情况也类似，比如澳大利亚原住民、波利尼西亚人和安达曼群岛岛民：他们没有经历过传染病传播的千万年，没有演化出大多数旧大陆居民所具备的强化抵御能力，在与更广阔的世界的接触过程中纷纷遭遇剧烈的打击。

“肤浅”

我们目前多少知道一些导致亚欧大陆北部人群浅肤色的遗传改变机制。至少我们知道HapMap遗传学数据库收录的欧洲和亚洲（中国和日本）等非洲以外人群身上的遗传学变化。

这些群体中的每一个都有数种基因已被或正在被替换，即产生更浅肤色的新变体替代如今撒哈拉以南的非洲人（大部分携带人类祖先的等位基因）所携带的深肤色基因。有意思的是，在中国导致浅肤色的遗传改变与在欧洲实现同样功能的那些遗传改变基本上不同。很多时候导致变异的是不同的基因，即便有相同的基因参与，在亚欧大陆不同的两端的群体所产生的变异也经常有所不同。所以在这个例子中，就像在乳糖耐受和其他一些例子中一样，不同群体的相似特征是趋同进化的产物，而在生物化学和遗传学层面上则完全不同。有时种族相似性是“肤浅”的。

许多这类遗传改变看起来都是晚近发生的。SLC24A5变体看起来是对欧洲以及邻近人群的肤色有最大影响的突变，它以惊人的速度传播。其连锁不平衡的程度（即环绕这一基因的基因组分布惊人地均匀）显示这一突变体大约在5800年前出现，然而它在整个欧洲的分布频率达到99%，同时以极高的频率出现在北非、东非并一路往东远至印度和锡兰。如果它的确是如此晚近时期出现的，它必然有很高的选择优势，有可能高至20%，其速度相当于一位农民在其一生中就能观察到他村里人们外貌上的变化。这里重申，如果它是如此晚近出现的，它必然在很早的历史时期有更局限的分布，尤其在边缘地区。事实上，这有可能解释为何罗马人有苏格兰皮克特人是黑皮肤的印象。

就如第三章所说，引起浅肤色的基因在晚近时期横扫欧亚的局面可

能的驱动原因在于：居住在高纬度地区的农民在紫外线辐射很低的情况下对维生素D的需求增加。但也有其他可能性。在旧大陆热带，比如说撒哈拉以南非洲、美拉尼西亚和新几内亚，黑皮肤这原初的性征是有选择优势的。脸色苍白可不受欢迎。但在海拔更高的地区，比如欧洲和亚洲北部，肤色可能更淡一点。许多基因有不只一种功能：有可能产生黑色素的基因曾经经历过一些遗传学改变，从而增进了其他功能，产生了并非是促进维生素D生产的其他益处。

我们知道鱼类身上的一个例子可以解释相同的原理。在人类身上，2型眼睛皮肤白化病（*oculocutaneous albinism II*, *OCA2*）突变体和黑色素代谢途径有关——如果你携带两副不完整的突变体，那么你就是白化病患者。它同时也影响眼睛的颜色：在欧洲迅速增加的一个特定的变异是蓝眼睛出现的主要成因。被困在岩洞中的鱼类（相信我们，这都是相关的内容）失去视力并在许多代以后发生白化现象。研究者发现墨西哥许多不同种类的岩洞目盲鱼类都带有*OCA2*突变体，它们全部都是脂鲤的后代。然而引起白化病的变异在每种鱼类身上都是不同的，它们的源头也各不一样。既然我们在每一个例子中都发现了*OCA2*突变体，那么除去*OCA2*基因肯定有某种好处，至少是在那种地下环境里。而这种好处肯定不是增加紫外线吸收，因为那些岩洞里根本没有紫外线。^[4]

有一些线索指向除去*OCA2*基因，或至少减低它的活性，对于那些能避免后果的人类可能是有好处的（或许是通过和维生素D无关的一些方式）。我们观察到的模式是拥有一副减活的*OCA2*基因即便在阳光比较充沛的地域也是有好处的。在南非，*OCA2*被去除的版本的基因非常常见：基因频率超过1%。^[5]而拥有两副这种基因的个体则会患白化病，并有诸如皮肤癌和眼盲这样的病症，在社会生活中常常被摒弃。然而这是南非最常见的遗传病，而且绝大多数的病例是由同一种突变引起的。美国西南部的美洲印第安人身上也有同样的情况：一种形式的*OCA2*白化病在纳瓦霍人（the Navajo）和其他邻近部落中非常常见，基因频率高达4.5%。^[6]墨西哥南部、巴拿马东部和巴西南部也有同样的

模式出现。所有这些例子都显示了杂合体（即只携带一副减活版本的OCA2基因）有可能是有好处的。

还有一些别的观察使我们疑惑维生素D到底是不是晚近人类肤色变化的关键因素；就如之前提到的，这些观察指出在欧洲和东亚与浅肤色相关的遗传变化机理几乎是截然不同的。如果一个和黑色素合成有关的减活版本的基因在欧洲受强自然选择的青睐，那么为什么同一个基因的类似减活版本就没有在中国出现和传播呢？减弱功能的突变很常见，而且对影响肤色、眼睛颜色和头发颜色的基因选择使得欧洲人有多种多样的外貌：红发和金发，蓝眼和绿眼。世界上没有其他地方有这种类型的多样性。世界上大部分地方，即便在温暖的地区，每个人都是深色眼睛和深色头发的。这些事实对我们来说意味着影响肤色的自然选择力量在欧洲和东亚截然不同。如果这些力量是不同的，那么至少它们中的一种是在选择着维生素D之外的东西。

干骨头

骨骼数据清晰地显示过去1万年间人类经历了相当快速的演化过程。人类骨骼变得更细长（也就是更轻），这一点在一些人类群体身上更明显。我们的下巴收缩了，长骨变得更轻，眉棱骨在大部分人类群体身上消失了（著名的例外是澳大利亚原住民，他们的骨骼结构也变化了，但变化没有那么大；他们仍然有眉棱骨，而且他们的颅骨有别的人类群体的两倍厚）。[\[7\]](#) 颅骨容积减少了，这在所有人类群体中都一样：欧洲人的颅骨容积比约20000年前最大的时候低了将近10%。随着时间推进，这些变化自然最终都会四处传遍。比方说，如果你看看青铜器时代（约3000年前）欧洲的骨骼遗存，你会发现其中一些人还有像澳大利亚原住民那样的眉棱骨。然而今日几乎没有任何欧洲人有眉棱骨了。

关于基因组选择的测量有可能找出影响这些过程的其中一些等位基因。有一组研究者认为和骨头生长有关的其中两个基因显示了欧洲人身上的自然选择过程，这个基因家族的另一个基因则显示了东亚人身上的自然选择过程，还有第四个基因跟两个人群身上的自然选择都有关。[\[8\]](#)

甚至就在过去这1000年间就有一些变化可以被观察到。英格兰研究者近期比较了三个人群的颅骨，分别是中世纪欧洲黑死病时期的死者（约650年前），条顿时期（约450年前）沉没的玛丽罗斯（*Mary Rose*）号上的船员，和我们同时代人。在这段短暂的时期颅骨形状就已经发生了显著的变化，而这是特别有意思的，因为我们知道在过去700年间英格兰并没有发生过任何大规模的人口更替。和我们同时代的英格兰人颅腔高度比早期的人口大约大15%，而且含有额叶颅骨的部分因此也要大些。[\[9\]](#)

骗子们发达了

通常一个基因的新版本频率能增加是因为它能在某些方面帮助其携带者，虽然它不一定能帮助整个人群。而有一些等位基因比这更过分，它们的繁衍就只靠帮助自身，而非其携带者。它们被称为“偏向基因”（driving genes）。

每个人都有除了性染色体之外所有染色体的两个副本，即每个人的常染色体基因各有两个副本。在减数分裂（该过程形成生殖细胞）的过程中，一个二倍体胚细胞复制其DNA，然后分裂两次，形成四个单倍体细胞，每一个都有一整套完整的常染色体和单个的性染色体。在精子形成的过程中所有四个单倍体细胞都成为配子，而女性体内只有四个单倍体细胞中的一个成为卵子。

通常每个基因的两个副本有均等的机会在配子中出现。这个系统（在演化意义上）给予所有等位基因公平的待遇。但有时候，突变会创造一个新的等位基因，它会有超过50%的更大的进入配子的概率。它就像一个插队者。在同一个队列中，一个突变有可能增加一个配子的成功率，比如说使得精子游动得更快，精子抗原六基因（for sperm associated antigen 6, SPAG6），一个和精子移动能力有关的基因很可能就是这样的，欧洲人身上的这个基因很明显在过去几千年内经历了一次选择性清除。[\[10\]](#)

随着人口数量的增加，基因的偏向版本肯定出现得更多，就好像闪电击打得克萨斯州比击打堪萨斯州更多。在一个很小的人群中，一个偏向等位基因会偶尔出现并迅速被固定，然而这个人群绝大部分时间或许都处在这一类选择性清除的间隙。而在大得多的人类群体中，并且当这些群体具有现代化的行为模式特别是从事农业的时候，偏向基因出现的

速率大概比旧石器时代的人群高大约两个数量级。那些新的偏向等位基因可不需要花那么长的时间来传播，因为在基因混合良好的人群中它们是呈指数增长的。因此，现代人类应该携带极其大量的偏向基因，无论是刚刚被固定的还是正在固定过程中的。同样的论证可以得出这样的结论，即任何数量在晚近时期飙升的物种（比方说被驯化的动物）都有可能携带极其大量的偏向基因。

近期的研究可能已经测出了这类偏向等位基因。一项研究[\[11\]](#)找出了一些着丝点区域内选择性清扫的证据——着丝粒是把染色体的两半联结在一起的中央区域，所以在减数分裂和在普通细胞分裂（有丝分裂）中起着关键的作用。有理由相信着丝点变异会影响等位基因最终停留在卵子或极体（卵子分裂过程中会最终消失的副产品）的途径。任何一个等位基因如果有更高的概率进入卵子而不是极体，就会有优势，而且是很大的优势。在可测得的数据中，研究者发现了17个染色体中的8个被选择性清除的证据。这一类选择性清除是区域性的遗传现象，主要发生在欧洲和亚洲的样本身上，这意味着它们是人类扩张并走出非洲之后的遗传现象。

在长远的时间段内，一个足够大的人群身上会出现更多的偏向基因，但同时也会出现更多对偏向基因的抵御机制。但在短时期内，特别是在刚刚经历剧烈人口扩张的人群身上，偏向基因有可能不仅异乎寻常的多，而且特别的麻烦，因为只有在偏向等位基因变得很普遍之后，青睐抵御机制和修饰基因的选择压力才会出现。这可不仅仅是理论上的有可能的事情，它有可能就和人类难解的高流产率有关。可能只有低到25%的人类妊娠会得到健康的婴儿，比绝大多数哺乳动物的概率要低得多，而看起来大部分流产都是染色体异常造成的。而高得异乎寻常的偏向基因数量很可能就与此有关。同一时间内太多等位基因想要进入卵子有可能造成麻烦，就好像喜剧中常出现的桥断中几个人都想同时穿过那一道门，却被卡住一样。

思维转变

最有趣的遗传改变是那些改变了人类个性和认知能力的，有很好的研究证据证明这类改变确实发生了。

在近期样本研究中找出的许多新的、迅速传播的等位基因都和中枢神经系统有关。其中有神经递质受体和转体基因的新版本——神经递质是连接和影响神经细胞之间信号传递的分子。许多新的等位基因对血清素起一定的影响，而血清素是一种与调整情绪和情感有关的神经递质。许多娱乐性和治疗性药物（特别是抗抑郁药）调节的就是血清素代谢。还有许多新版本的基因对脑发育起作用，即那些影响轴突生长、突触形成、大脑皮层各层的形成和总体脑发育的基因。而且，这些新突变体中的大部分也是区域性的：人类演化疯狂席卷了所有方向。

研究发现跟肌肉纤维和脑发育有关的遗传因子中的许多新版本基因。抗肌萎缩蛋白（Dystrophin，已知人类基因中最长的编码）在肌肉纤维和脑部起重要的结构作用；抗肌萎缩蛋白复合物是一系列与肌肉萎缩症有实质联系的蛋白质。抗肌萎缩蛋白基因本身的重大缺陷会导致杜兴氏肌肉营养不良症，会有特别严重的后果；而较小的缺陷会导致贝克型肌肉萎缩症，后果较为温和。这些都是最常见的遗传疾病，很显然是因为极其庞大而结构复杂的抗肌萎缩蛋白基因有太多出错的可能性。而抗肌萎缩蛋白的双重作用也会产生医学上的后果，得了杜兴氏肌肉营养不良症的男孩同时会有智商降低和肌肉孱弱的症状。

我们在样本研究中找到的跟抗肌萎缩蛋白有关的清扫基因（不会造成疾病），引出了一种有趣的可能性，即晚近演化中肌肉和大脑功能的直接权衡。我们有理由认为大约10万年前的人类拥有比今天更强劲的肉——所以抗肌萎缩蛋白复合体的变化有可能的方向是牺牲肌肉强度而

增高智力。

另一个非常有趣的模式跟影响内耳的基因的新版本有关。[\[12\]](#)我们在想这是不是晚近增加的语言复杂程度的一种影响：因为足够晚近，所以我们的耳朵（可能还有我们的大脑、喉咙和舌头）仍然在适应这些变化。又或者，因为其中一些和内耳有关的清扫基因是地域性和晚近的，那么会不会有一些人群是特别在适应一些特定语言 / 语族的特征呢？看起来所有人类成员都可以学习任何一种人类语言，但我们不知道是不是每一个人都天生就像其他人一样有能力去学另一种语言，有用另一种语言交流的可能性，又或有能力去偷听另一种语言。

一般地说，这些清扫型的神经基因出现有可能是对农业生活本身所带来的新挑战和其实现的复杂等级社会的回应。在下一个部分我们会讨论这些挑战和针对它们的适应性回应。

马尔萨斯陷阱

在1798年发表的《人口学原理》（*An Essay on the Principle of Population*）中，托马斯·马尔萨斯（Thomas Malthus）的观察结果指出人口增长倾向于超过食物供应能力，因为人口呈几何速率增长，而食物成算数速率增长。他写道：

人口增长的力量是如此高于土地为人生产足够补给的力量，人类必然会经历这种或那种的过早死亡形式。而人类中的恶人就是那些活跃又能干的从事人口减少工作的大臣。他们是大型毁灭性军队的先驱，而且自己就把这可怕的事情给干了。但是如果他们在这场灭绝战争中失败的话，疾病多发的季节、流行病、鼠疫和瘟疫就会大规模列队爆发，夺走成千上万的人。如果它们的成果仍然不充分的话，不可避免的大规模饥荒就会悄悄尾随而至，而这巨大打击会拉平世界的人口水平和食物生产水平。

想象一个干得还不错的农业群体：他们有足够的食物。那么他们很容易在每个家庭中抚养超过两个孩子。如此人口就增长了，而且只要现状能维持就会不断增长。更多人口需要更多食物，但那时候也会有更多人去生产食物。只要人均产量不变，生活水平即便在人口增长的时候也不会改变。然而最终这个不断增长的人群会耗尽所有的土地，那么下一代人口就只能在更小的土地上耕种。他们仍然有可能保持人均产量，只要他们工作足够努力，但再下一代人口耕种的土地就更小了。只要食物生产的技术保持不变，最终人均产量一定会随着人口上升而下降，人均资源也会下降。而下降趋势会持续下去，直到每个农民生产的食物只足以养育两个孩子，这时候人口增长就停止了。

假设农耕方法进步，使人均产量增加10倍。人口开始增长——让我

们假设增长得相当慢，每个家庭平均能够养活2.5个孩子至成年。人口每一代将增长25%。十代人时间（约250年）后，人口增长就赶上了农耕技术进步提高的农业产量增长率。生活水准又变得和开始时一样低，那么人口增长停止。然而，平均每个家庭养育2.5个孩子怎样也不算一个特别高的人口增长率：在殖民时期的美洲，每个家庭平均养育孩子（至成年）的数量超过7个。以这个速率，只要两代人的时间人口增长就赶上了10倍人均产量这样的增长率。

这里关键的一点是即便速率很温和的人口增长都会很快赶上所有可能的改进食物生产的速率。所以，所有人口都应该在大部分时间里保持在马尔萨斯人口阈值左右，而且应该没有任何持续改进生活标准的情况。马尔萨斯本人还指出除了食物贮藏外的别的因素也可能限制人口。任何随着人口密度增加而加剧的负面影响因素都可能成为限制性因素，不仅仅限于饥荒和营养不良。关键是在人口密度最低的时候哪个负面影响因素会出现。我们相信最重要的限制因素（不一定每个人类群体都一样）的特质会对人类演化有重要影响，包括了我们正在讨论的种种晚近变化。

可以想象某种形式的出生限制可以有效抑制人口增长，但只有在每个人都愿意实施这一举措的时候才会有效。就算只有小数量人群不去限制他们的繁衍，他们也会迅速替代那些主动限制人口的人群（最多几个世纪时间），这样我们又回到了原点——马尔萨斯陷阱，也就是人口增长与限制人口增长的因素齐头并进，而我们会停留在马尔萨斯极限附近，生活标准无法持续性地提高。或许在未来，在一个遵守纪律的世界状态下，可以想象生育限制会使得这个原理不再生效，它会降低人口增长速率和使得更高的生活标准得以实现，然而在过去，生育限制可从来都不是这样运作的。

冲突（广义的冲突包括了所有形式的人与人之间的暴力）或许会在饥荒出现之前限制人口增长，如果它随着人口密度增长也加剧的话。如

果人类没法建设大型的、组织良好的社会的话，冲突或许可以使我们免于贫穷：事实上，冲突或许在许多非人类的物种中是重要的限制性因素，对于早期人类来说也可能是限制性因素。然而人类是可以合作的，尤其当有什么是值得偷的时候。在一个贮藏有剩余资源的人口，国家形成最终会限制地方冲突，而和平会把人们送进救济院。

传染病是足以和饥荒抗争的最有力的人口限制因素。两者自然可以一起出现，而且的确也常常一起出现，因为营养不良会导致对疾病抵抗力的下降，而反过来说受感染的个体工作产出（生产的食物量）会减小。此外，人口密度会让传染病的影响变得更糟，甚至会杀死营养充足的人们，所以理论上它可能是人类社会关键的人口限制因素。在这样的情况下，人类很可能会有充足的食物，然而其他取舍可能会出现。比方说，在这种情况下对代谢效率的自然选择强度可能会弱于经典的马尔萨斯陷阱的情形；女人们可能更加独当一面，而社会所需的父系投入会减少，取决于大部分人怎样谋生。对于对抗有机体或者对抗与强劲疾病压力有关的有机体的机制会有很强的自然选择倾向。

三骑士——战争、瘟疫和饥荒——任何一个都曾在不同的历史时期主导不同的人群。

原始战争很显然是新石器时代农业出现之前限制觅食者人口的主要机制。传染病在狩猎兼采集者社会中肯定也很有影响力，但它的作用力相对会被觅食者社会的低人口密度冲淡。强烈的气候变化，比如特大干旱或寒潮肯定会使得土地生产力锐减而造成饥荒，尤其在气候不稳定的冰川时期。然而，从种种杀戮和食人习俗的考古证据看，我们猜测地方性的冲突有更强的效果。在这一类系统中，人们都是机会均等的，这在遗传证据上很明显：有机会繁衍后代的男性比例比农耕社会显著要高。传染病，特别是恶性疟疾，很可能是热带非洲的人口限制因素。据我们所知，似乎一直到非常晚近的时期，非洲的人口密度都比欧洲、中东和东亚要低。女性主导的农耕系统似乎存在于非洲班图语区的很多地

方，在那些地方女人大多能自给自足，这说明在那里比在欧亚大陆大部分地区生产食物要容易。在欧亚大陆的很多地方，父母双方艰苦努力所做的工作都几乎仅仅让投入产出得以平衡。疾病也可能限制了非洲国家系统的复杂度，然而也有许多其他因素，比如非洲与旧大陆其他地方的相对隔离情况或野生大象毁坏先驱者的田地。[\[13\]](#)

在旧大陆许多地方，特别是生活在强大国家内的农耕者群体中，饥荒和营养不良才是主要限制因素。当国家内部和平的时期，人口迅速蹿升至超出土地承载力。在那样的社会里，底层人民通常缺少食物，因此他们无法养育足够顶替他们工作的子女。然而社会精英则必然有高得不成比例的繁衍率，而他们没有那么精英的子女则会顶替那些子女不足的农耕者的工作。乔治·克拉克（Gregory Clark）在《告别赈金》（*A Farewell to Alms*）一书中证明中世纪英格兰最富有的社会成员大约有两倍于最贫穷成员的后代。[\[14\]](#)社会底层基本无法自我繁衍，因此，在大约1000年以后几乎每一个人都传承自富裕阶级。有理由相信这一现象在很多地方都出现了（比如说东亚和西欧大部分地方），然而财富的获取在每个地方都不一样，所以自然选择在不同的社会青睐不同的特征。

桎梏之下

正如卢梭所言：“人生而自由，然而无往不在枷锁之中。”^[15]

在农业出现以前，政府其实并不存在。绝大多数的狩猎兼采集者都是崇尚平等的无政府主义者：他们没有领导或上司，即便有了上司，对于他们也没什么意义。布须曼人至今仍会嘲笑想当“头子”的那些人。也许我们应该向他们学点什么。

但农民们却有领导：这和土地的所有权是分不开的。与狩猎兼采集者截然不同的是，种植谷物的农民会将食物储存起来，这样就有人会不劳而获地窃取这些宝贵的粮食。所谓的精英们，就是那些靠别人的生产力生活的人，而农业社会恰恰为他们的存在提供了条件。有意思的是，一些农民试图种植甘薯这样的根茎类作物来阻止偷窃，因为如果不及时将它们挖出来，它们很容易在地里腐烂。^[16]农民们企图通过这种方式来抑制精英的产生。另外，早期强大的国家通常都有难以逾越的自然边界，并靠这个让它的“公民”很难逃避征税。埃及，作为寸草不生的沙漠所围绕的一叶富饶的土地，就是一个典型的例子。^[17]

当然，一旦你的邻邦形成了国家，出于自卫及保护新兴精英利益的原因，你的族群也会被迫这么做。其实今天，每个人都生活在某种形式的政府的统治之下。

一旦精英的存在变成了可能，那么他们在生育上的优势便发挥出来。这种最典型的阶级斗争——为生存而进行的斗争——却往往被历史学家或被当事人所忽视。这种斗争可以有很多种形式。某些时候，巨大的利益往往都积累在某一男性血统中——这就是为什么人人都想成为国王！研究人员惊讶地发现，8%的爱尔兰男性人群携带某种形式的Y染

色体。这种形式的Y染色体在与爱尔兰有着密切关系的部分苏格兰地区以及爱尔兰散居人群中也是很常见的。从全球方面看，大约有200万到300万的男性携带这种染色体。这种染色体能够证明这些男性是公元400年左右爱尔兰国王“拥有9个人质的尼尔”（Niall of the Nine Hostages，有9个王国给他交人质）的后裔。在此后的1200年间（直到1609年），他的后裔在爱尔兰北部都掌握着强大的权力。[\[18\]](#)

另一个精彩的例子是成吉思汗，他也被称作“上帝之鞭”、“王位与皇冠的主人”、“完美的战士”以及“所有男人的君王”。在大约800年前，成吉思汗和他的后人征服了从现在的中国大部分地区到大马士革的一切。同时，成吉思汗懂得如何享受成功的快乐。这是他对至高欢愉的定义：“把我的敌人碎尸万段，鞭打他们为我拉车，抢走他们的财宝，看着他们心爱的人哭泣，然后再将他们的妻女拥入怀抱。”[\[19\]](#)这最后一点对于成吉思汗来说显得格外有诱惑力。他和他的儿子们，儿子的儿子们——这黄金家族——在统治亚洲的几百年间，四处留种。正因如此，他们在遗传上产生了巨大的效应。通过对一种特殊的Y染色体的认定，我们知道，如今有1600万的中亚男性都是他的直系后裔。这恰恰说明了一个人就可能带来巨大的变化。

相比之下，精英在生育上的优势通常没有那么集中。举个例子，我们常见一小群人征服了一个族群并成为新的精英。如果统治的精英阶级具有强大的繁殖优势，并且不与原来的族群通婚，即使没有大规模或蓄意的种族屠杀，该地区的居民终将成为统治精英的后代。这也许就是盎格鲁—撒克逊人征服英格兰之后所发生的一切；他们的数量大大超过了现存的凯尔特人，于是他们也就贡献了大部分与现代英格兰人相关的基因库。此外，在早期盎格鲁—撒克逊统治下的英格兰存在着种族隔离的社会结构。这加速了社会和遗传的变革。[\[20\]](#)

一般情况下，个体可以自由进出精英群体，自然选择则会偏爱那些能够加速进入精英群体并保持成为其中一员的特质。这不仅仅发生在统

治阶级，而是在任何一个高于更替水平生育率的阶级中都可能发生。只要有足够的基因流，不仅仅是在那些高生育率的族群中，在整个群体中具有优势基因的族群都将会被留下来。

但是，如果高生育率的亚群体经历了长时间的生殖隔离（或者接近生殖隔离），对特定生态位的选择压力可能会将他们的演化引向一个特殊的方向，最终造成与周围族群的显著差异。我们认为这发生在阿什肯纳兹犹太人身上，我们将会第七章里详述。现在我们只需要说，在阿什肯纳兹犹太人身上的选择压力来自几个世纪以来严格限制通婚以及一种奇特的偏爱高生育率的社会环境。这是一个非常特殊的例子，只有很少几个种族经历过这种漫长的生殖隔离，以及产生这种结果的异乎寻常的模式。任何一种方式都有可能打乱这个过程，就像如今一样，犹太人与非犹太人的通婚和生育形式的转变就完全打乱了这个特殊的选择过程。

我们常说，优良的狗通常拥有平均水平以上的生育能力。然而，这也有例外。请记住，无论是以前的统治者还是现在的，都是会犯错误的，或者运气不好，并且往往他们并不知道自己究竟在做什么。有时，实施统治的精英们会打败仗，进而被入侵者取代，比如在诺曼征服战争（Norman Conquest）中那样。有时统治者有点太热衷于互相屠杀，正如在玫瑰战争（Wars of the Roses）中一样。而往往，统治的精英们仅仅是做出了糟糕的选择——在繁殖适应性意义上的糟糕。最常见的一个错误就是选择城市聚居，这样做的后果几乎必然是传染性疾病造成的人口下降。这里讲的“人口下降”，指的是城市居民无法养育足够的孩子：在现代医药与民用工程出现以前的城市，只能依靠周边农村源源不断流向城市的移民来维持它的人口数量。

财富可以弥补城市生活存在的危机，但前提是在疾病的危害不算太严重的时候——统治阶级的地位可以使他们免于饥荒，这是很重要的。但是，如果疾病的危害变得严重，即便可以免于饥荒，对于统治阶级来

说也还是不够的。统治阶级就会因此而逐渐消失——虽然这可能不是一朝一夕就发生的事情。

当新的病原体适应了人体，并且通过地理隔离的人群的相互接触而进行传播，城市疾病的危害就变得更加严重（正如在赫梯人中发生的那样）。我们知道，比如，原本意大利没有恶性疟疾，但在古典时代疟疾到达了亚平宁半岛，并向北逐渐传播。^[21]天花也是后来才传播到意大利的。也许正是在这两种凶猛疾病的夹击下，罗马帝国精英的数量严重下降。

有时，统治阶级做出演化意义上的糟糕选择是显而易见的。在古典时期，在昔兰尼加（Cyrenaica，现在是利比亚）的沿海生长着一种叫罗盘草（silphium，松香草属）的植物。这种植物的树脂被用作避孕和堕胎药。这种树脂的效果非凡，每月服下豆子大小的一剂药就可以避免怀孕。罗盘草最终变得非常受欢迎。因为没有办法进行人工种植，所以当需求量增加时，人们对它进行了过度采伐。当它变得稀缺时，它的价格直线上涨，直到人们不得不用银子来计量它的重量。这一切加速了对罗盘草的过度采伐，这个恶性循环最终导致了历史上第一个人为原因造成的物种灭绝。然而，在那几个世纪里，希腊—罗马的统治阶级如此频繁地使用这种植物，必定严重影响了生育率，除非他们只是想浪费金钱而已。

最终，在一些群体中，精英们组织起拥有垄断力量的政权。你可以想见以此产生的律法与秩序是有益于农民阶级的。农民会因此更安全一些，因为他们被禁止在邻邦进行掠夺，也不会受到邻邦掠夺的干扰。这是一个巨大的转变。因为在国家出现以前，在战争中死去的人口往往比在现代战争中死亡的多得多。农民们虽然也还是无法免于与外敌交战，但战争带来的死亡率却大大下降。然而，这时的出生率和死亡率却仍然持平，因为战争导致的死亡人口的减少被传染病（这影响所有人，包括精英阶级）和饥饿（这影响农民阶级）导致的死亡人口的上升所取

代。政府，特别是好的政府，最终要降低生活的标准，至少就卡路里而言是这样。



带锄头的男人

保罗·盖蒂博物馆，洛杉矶

让-弗兰索瓦·米雷

1860—1862年间

抛光纸上的黑白粉笔画

28.1cm×34.9cm (11^{1/16}in×13^{3/4}in.)

与律法抗争（律法获胜）

农业促成了精英的产生，农民却无法摆脱精英权力的桎梏。猎食者可以因为麻烦而随时放弃自己的领地，但农民却不能轻易放弃珍贵的农田（农田对于农民的繁殖适应来说太重要了）。因此，农民不得不屈从于权力：信奉平等主义的狩猎兼采集者所尊崇的特立独行的个性（“好男儿不为五斗米折腰”），对于农民来说就完全过时了。^[22]即便有些族群有机会重整、选择一个更平等的社会结构，精英阶级仍然会再次出现，正如中世纪冰岛共和国发生的那样。^[23]

统治阶级的出现会降低那些好斗的、具有侵略性的人的繁殖适应。在强大的国家机器的统治下，好斗的个性所带来的个人利益变得小得多，因为律法和秩序使个体很少依赖好斗的个性来进行自卫。仅仅就密集的人口而言，以前很好使的那些个性在现在也变得不合时宜。从直觉上来讲，过强的侵略性在频繁接触陌生人的过程中是占不到便宜的。因为如果老是打架，总有一次会输。另外，如果两个农民殊死搏斗，胜利者即便从中得到一点利益，他们的主人，那些同时向他们两人收税的精英阶级却不会得到什么。这种情况就像一个农民看着他的一头牛把另一头牛顶死了一样毫无价值可言。

农民们也不会因为驯养的牲畜或农作物之间的竞争而有利可赚。实际上，农业生产取得巨大收益的一个秘密就是减少驯化牲畜或作物之间的竞争性，比如矮株小麦和稻米所代表的“绿色革命”那样。精英阶级驯养他们的农民，正如同农民驯养他们的牛群，他们要铲除那些过于好斗的个体。这种选择经过一定长的时间，就会改变那些好斗的基因在种群中的数量。这种情况在那些强大的、稳定的国家中十分明显。因为如果好斗的个性被选择，那么统治政权就常常会被反动派推翻。这说明，一

些人需要驯服另一些人。但是，如果不同阶级之间有一定量的基因流动的话，整个群体会因为驯服而变得越来越温顺。

我们现在知道在这个故事中发挥作用的基因：在多巴胺受体D4（dopamine receptor D4, DRD4）上的7R（有7个重复片段）基因片段。这个基因片段和“注意力缺陷及多动症”（Attention-Deficit/Hyperactivity disorder, ADHD）有关。它所带来的症状让所有的小学老师头疼：学生好动不安分，注意力不集中，易分心，等等。

这个基因的多态性存在于世界上的大部分地区，尽管形式不同，但出现的频率都相当高。唯独东亚地区并不是这样。有意思的是，那些从7R片段上产生的基因片段在中国是十分普遍的，尽管7R基因本身很少在中国被发现。很有可能中国的文化就倾向于排除那些带有7R基因片段的个体。日本人常说，翘起来的钉子需要把它敲下去。也许，中国人就直接把它拔走扔掉了。

如果说对于屈从权利的选择就像驯化一样，这听起来一定让人不快。实际上，在全新世时期，人类驯化动物与人类自身变化这两个过程是很有可比性的。我们发现无论是人类自身还是被驯化的动物，大脑和颅骨都变小了，毛发颜色发生了变化，牙齿也在变小。正如德米特里·贝尔耶夫用狐狸做的实验所说明的，家养动物的一些特征改变可能是对驯良品质选择的副产品。就人类来说，我们知道在欧洲人群中控制血清素代谢的那些基因的转变很可能影响人的性格，但我们并不知道这些基因转变的具体效应——因为我们还不清楚他们是增加还是降低血清素的水平。人类中没有下垂的耳朵出现（至少就我们现在所知是这样），但无论是狐狸还是人类，外耳结构的改变可能会影响对于语言的识别。因为识别语言对于人类来说具有十分重要的繁殖适应性，也许下垂耳朵所带来的不便使这个特点在人类中从未出现。

有些被选择的特征可以被看作是一种幼态持续——成年的个体仍然保持着某些孩童的特质。儿童总是会服从父母——至少相对于青少年来

说是这样——自然选择有可能正是在成人中启动了在儿童中才有的、对服从特征选择的机制。这正如同我们常常看到的，相比起成年的狼，成年狗看起来更像是幼崽。

如果农业化使人们变得驯良，进而促成了强有力的政府的产生，那么农业化程度低，或是没有农业化的族群，应该不像农业化程度发达的族群那么容易服从统治。考量这个论断的一个依据，可以看人们是否容易被奴役。历史的经验告诉我们，没有经历过，或者只是很少地接触过农业的人是很难忍受桎梏的，这正如我们在1636年佩科特战争（The Pequot War）中白人清教徒所俘虏的印第安土著一样。同样道理，布须曼人，典型的狩猎兼采集者，总是被冠以“南非无政府主义者”的头衔。

资产阶级的优势

农业，及其在不同社会中所呈现的各种形式，一定选择了那些可以被称作资产阶级的个性——这些特征让一个人变得成功，但却不能让他变得有趣。其中一个特征便是长期以来对享乐的压抑。农民必须很现实，不能有任何浪费，因为他们要保存一部分作物作为来年耕作的种子，保留一部分牲畜用作配种繁育。

这并不容易。就在播种之前，食物是最容易短缺的。就算全家都饥饿难当，农民也不能吃留作种子的作物。这在狩猎兼采集者当中是绝对不会发生的：因为他们没有有效储存食物的方式，所以他们不是立刻把食物吃掉，就是分享给他人。他们从不会对自己设限，或者根本就不会想要限制自己。在新石器时代他们就不太会管住自己，到今天他们也还是这样：想要教会布须曼人放牧可不是件容易的事情，因为他们总会吃掉自己的羊群。尽管人们可以学习新的规则，但基因上的差异会让一些人比其他人更容易接受自我限制。这对个性有一定要求——比如要有耐心、自控力以及对长远利益的考虑而非短浅的目光——自然选择逐渐让这些特征在长期从事农业的人群中变得普遍起来。

农业同时也催生了财产权这一概念。在狩猎兼采集者中，完全没有产权的观念。尽管部落有时会声明自己的狩猎区域，但跟土地的所有权是两码事。狩猎兼采集者过着颠沛流离的生活，除了一些简单的工具和武器，他们不会积累其他的任何财产。而农民相对来说稳定得多，他们可以积累牲畜、土地以及其他形式的财产。当国家政权出现并限制了暴力，对财产的累积就变得更加现实且重要。在律法和社会秩序的保护下，人口增长，土地变得稀缺。有时，政府会想办法使产权更加安全稳固。

农民也因此可以为他们自己以及子孙后代积累能够增加繁殖适应性的资源——如果他们愿意这样做，且国家不会横征暴敛。但这做起来也不那么容易。狩猎兼采集者总是会分享资源，一部分原因是以此强化部落成员之间的关系，另一部分原因是除此以外他们也没有别的方法处理剩余的资源。即便一家人都上阵帮忙，他们也不可能在肉坏掉之前吃掉一整头长颈鹿。分享剩余猎物的成本基本为零。所以狩猎者们都是很大方的。

而农民却必须自私。至少，他们不能分享留作播种的粮食或配种的牲畜——如果他们还想继续当农民的话。除此以外，吝啬增加了农民们的繁殖适应，至少相对于狩猎兼采集者来说是这样。

一旦产权产生，懒惰将渐无立足之地。从很多方面来讲，辛勤工作能够带来持久的财富，进而增加了个体及其亲人和后代的繁殖适应性。农民们可以买更多的土地或牲畜。他们还可以做一些收效持久的改进，比如建楼房或灌溉系统。这对于狩猎兼采集者来说几乎是不可能的——因为他们根本无法积累任何财富。只要他们肚子饱了，他们自己的工具和武器也还好，他们就根本不会工作。他们会享乐：聊天、八卦、唱歌。他们懒惰，这也是应该的：懒惰在生物学上是有意义的。他们通常能够比较轻松地获取食物，因为频繁的暴力战争控制了人口的数量，使其消耗的资源总是比土地的生态承载能力要低。而当律法和秩序使人口密度增加，农民则不得不为了生存而越来越努力地工作。又一次，自然选择倾向留下那些所谓的怪人——“喜欢”工作的人，即便食物充足，他们也还是会工作。

最终，无论男女都需要辛勤工作。实际上，对于大部分人来说，这是供养全家的唯一途径。但这不是普遍的现象。在资源充足的时候，男性有时只做很少的工作。男人养家糊口——我们管这叫“高父亲投资”——在现代狩猎兼采集者当中是很普遍的，也许在我们的祖先中也是普遍存在的。在那些社会里，女性通常会提供全家需要的大部分卡路

里（以植物性食物的形式），至少在暖和的环境中是这样。但男性猎人所提供的猎物，却是蛋白质和其他必需营养的重要来源。

相比起来，农民们必须付出的艰苦的劳动——当暴力已不足以将人口控制在土地的承载范围以内的时候——改变了上述的一切。当一个勤勤恳恳的丈夫变得不可或缺，嫁妆在一些文化中变得重要起来。这样，农民可以用他积累的财富为自己的女儿买一个能干的丈夫——嫁妆也由此变成了以财富提高繁殖适应性的另一途径。

稳定的政府和低税收使得有自控力的个体能够积累越来越多的财富。在一些早期的文明社会中，实际年利率可以达到10%左右。这个高利率足以让任何愿意存下一些钱的人在几十年之后获取丰厚的收益而得以轻松一下。然而，真的到了那个时候，人们都已经太老了，无法真正享受财富给他们带来的欢愉。但这对他们孩子的繁殖适应还是非常有利的。所以自然选择仍然会倾向这种工作狂的特质。然而当“时间偏好”降低（就是倾向于推迟享乐的特质），当越来越多的人把钱存起来而不是花掉，利息也会随之降低。

马尔萨斯模式下的农业偏爱那些在代谢上高效且依靠一定量的食物就能进行大量工作的人。对狩猎兼采集者的选择压力则不同——在战争或打猎时的爆发力更为重要。 α —辅肌动蛋白3（ α -actinin-3, ACTN3）基因上的差异就证明了这一点。这个基因有两种表型——一种是表达出参与快速抽搐肌肉的蛋白，另一种则完全不产生任何蛋白表型。完整的基因能够增强肌肉的力量，在世界级的短跑运动员中显得尤为突出；而另一种形式的基因能够增强有氧代谢的效率以及耐力。经过基因改良，带有耐力版ACTN3基因的老鼠比普通老鼠在体力耗尽以前能够多跑33%的距离。[\[24\]](#)两种形式的ACTN3基因在所有的人群中都存在，但耐力版的基因在欧洲农业出现之后变得更加普遍。我们推测这是因为这种形式的基因使农民们的生产力提高。

起先，所有前农业的行为一定和农事是对立的：人们不会愿意去做没有意义的事情。但随着时间推移，决定了工蚁般行为的基因的频率一定在不断增加，直到过了几千年，那些自私的、辛勤的、有自控力的人在人群中的比例，相对于狩猎兼采集群体来说，大大增加。从长远来看，在马尔萨斯式的世界中，工蚁（勤勤恳恳的工作狂）并不比蚱蜢（游手好闲的机会主义者）更能提高生活的质量，但比别人更加勤劳节省的农民将获得比一般人更高的繁殖适应性。最终，越来越多的人会拥有在我们狩猎兼采集祖先中难得一见的特质。

金钱与市场

在《基因地带的狭窄道路》（*Narrow Roads of Gene Land*）一书中，理论生物学家威廉·汉弥尔顿（William Hamilton）写道：“在我看来，文明一直促进着某些内在的智性。比如，商业运作，就是世界文明中不可分割的一部分。它需要参与其中的人拥有复杂的认知能力，就像在军事冒险中那样。所不同的是，商业运作更加谨慎，而不是铤而走险。很有可能文明选择了能够成就商业运作的那种智性。”[\[25\]](#)

农业会选择使人们能够成功参与商品交易的特征：一个农民需要比其他入更懂得如何把他的小麦卖个更高的价钱，或者进行更多更有利的交易，这样他才能更加成功，以供养一大家子人。推销员、商人、金融家便从此产生。

如果理论正确的话，那些没有经历过任何商业压力，或者只在很有限的一段时间里或者很有限的程度上经历过商业压力的群体，在今天不会表现得很好。那些新近才从事农业的群体，或者还没有从事农业的群体，很难掌握新近的重要的社会及技术发展。对于印第安人来说就是这样，目前他们对南美的自由主义经济政策感到很是不满。

同样的道理，那些广为人知的中间商，比如亚美尼亚人、犹太人、黎巴嫩人、帕西人、东非的印度人以及东南亚的华人，则全都拥有历史悠久的农业传统。显而易见的是，拥有长期买卖的历史不会浪费你的权力。

现代社会

我们这里所讨论的这种渐进的、有方向性的生物性变化是可以造就历史趋势的。虽然这种趋势不是单一的形式，但随着时间的推移，生物性的改变会偏向某些特定形式的社会和组织，而这些社会和组织就进而变得越来越普遍。最终，由量变到质变，一些群体产生了以前社会中不曾拥有的新的社会形式。具体地说，只有经历了上千年阶级式农业社会的选择，那些新的社会形式才会出现。

在不同群体之间所共享的大量相同的心智特征并不代表这些群体一定会拥有相同的社会形式或组织。性格特征的分布也是很重要的。

举个例子，高信任度的社会能够节省巨大的成本——人们可以夜不闭户，也不用担心贪污腐败问题。在其他条件都相同的情况下，高信任度社会的人将比其他社会的人在战争中表现得更加突出，因为他们不用担心背叛的问题。在另一种社会中，如果20%的人习惯欺骗，那么这个社会将会消耗大量资源进行惩罚与防范。而且，那些需要相互信任的行动在这种社会当中是不可能进行的。

在一个群体中，没有任何一种个性是真正的异类（比如每个人都带有莎士比亚所描述的某种特征）。这个群体可能会产生一种和我们完全不同的文明，因为这种混合的个性和我们是不同的。如果一个社会由过多的哈姆雷特组成，那么这个社会可能一事无成。

我们可以以两种方式来看待新近的自然选择所偏向的社会形式。最显而易见的是对于频率的考察。最有力的例子显示，我们所处的社会形式在历史中是不多见的。当然，因为我们缺乏关于原始社会的很多信息，下这种论断是很困难的。比如，我们有理由怀疑印度河文明是否曾

拥有众议院、参议院立法机制，独立的司法系统，以及成文的宪法——因为我们无法解读他们的文本，当然也就无从知晓。另一种方式是用空间来代替时间：我们来考察那些从未当过农民的现代人，或者只在很短时间内从事农业的欧洲人、东亚人以及中东东部人，然后考察哪种社会的形式与机构（如果有的话）在这些人群中是鲜见的。虽然，这种方式比考察早期社会显得更值得商榷，但我们对于近代历史的记录显然要完整准确得多。

古老的农耕文明比起那些鲜有从事农业或经历过等级社会的文明而言，对于复杂的新技术以及社会组织方式接受起来容易得多。这说明在工业和科技革命的诞生过程中，在认知及个性上渐进的生物学改变起到了关键的作用。

贾雷德·戴蒙德在《枪炮、病菌与钢铁》一书中提到：“那些新近崛起的国家其实就是几千年来古老的粮食中心产区，或者由那些来自这些地方的人所组成的国家……由此说来，我们几乎无法想象撒哈拉以南的非洲人，或者澳大利亚土著人，或者美洲原住民能够统治世界。公元前8000年的历史已经书写了我们的今天。”^[26]不过我们要问的是，这是什么样的历史呢？戴蒙德曾解释说社会之间的差异全部来自文化，也就是说，是后天习得的——如果真是这样，那么即便没有经历过农耕文明的社会，理论上也是可以在很短时间内学会的。毕竟，文化在每一代人中都在不断传承，因此那些在一些国家中被证明是成功的技术革新及社会组织形式，在两到三代人之中是很容易被习得的，比如许多国家的大部分农民在几代人的时间内全部变成了城市居民。然而，经济学家的研究表明，某个国家开始从事农业的时间对这个国家在最近几十年的经济发展有巨大的影响。即便他们将许多其他影响因素都考虑进去之后，这个结果仍然成立。^[27]这个发现很难完全归结于文化效应。如果一个国家能够从他们青铜器时代的祖先那儿学到有益的经验（这是很有可能的），为什么其他国家的人不行呢？为什么这些经验能够给该国的人带来特殊的好处呢？从另一方面来说，在那几千年中，遗传上的变化在等

级森严的社会里很容易发生，而遗传信息传递起来却并不容易——至少现在还是如此。

如果这些变化的根源是影响认知能力和个性特征的生物学变化，而且这些生物学变化是自然选择作用了上千年的产物，那么关于为何鲜有农耕经验的人在现代化过程中也进展缓慢这一问题的种种传统解释就显得很有问题了。而且，如果研究方法是依据其中的生物学原理制定的话，这些方法可能很有效果。这些方法完全有可能改变我们对周围世界秩序的认识，把整体研究都变得更加有趣。

我们对新的社会形式很关注，这些社会形式在过去的几个世纪里极大地提高了创新的速度——我们也把这叫作科技和工业革命。有人争辩说遗传上的逐步改变不可能带来这样巨大的社会变化。然而，在我们看来这种观点是不正确的。举一个例子，让我们看看在公元1500年欧洲的某人群中，如果一个能够影响行为的基因的基因频率是20%，并且具有6%的选择优势——我们知道很多基因的选择频率都在这个范围，那么在接下来的300年间，这个基因的频率将会翻倍。而当这个基因的频率从20%升高到40%，这将是一个巨大的变化，足以使公元1800年的欧洲社会产生新的生产力或变化趋势。

这样有选择优势的基因在过了1000年后将以10倍指数速度增长。当这个基因的频率是1：100000，或者1：1000，甚至是1：100时，这个基因几乎没有任何社会效应；但如果这个频率从1%变成了10%，那么这个基因的作用就不容忽视了。当某个基因在不到1000年的时间里能够从10%的频率升高到50%，那么它带来的社会影响可能是巨大的。

当一些微小的生物学改变超过某个阈值的时候，它们可能也会带来巨大的社会变化，正如同稍稍高于冰点的温度就可以使冰融化成水。这种变化（冰变成水，水变成蒸汽，石墨变成钻石）叫作物态变化。我们应该能找到相应的社会变化模式。让我们想象正在打仗的一支军队，一支处境并不太好的军队。士兵们开始逃跑——一开始只有几个人，然后

越来越多。那些还在坚持奋战的人会渐渐开始发现他们取胜的机会随着越来越多的同伴逃跑而迅速降低，于是更多的人会选择逃跑。这个恶性循环会加速下去，直到整个军队崩溃瓦解，每个士兵都只会想办法保全自己。可见，一个在战斗中小小的变化（几个人开始逃走）就足以使一支组织严密有效的军队最终变成一群乌合之众。根据组成这个军队的士兵的个性差异，这样的瓦解既有可能不会发生，也有可能无可避免，这其中的差异并没有我们想象的那么大。文化因素可以影响上述这种社会变化发生的概率，而生物学因素将会影响个性特征。

同样可能的是，一些重要的行为具有非常有效的阈值，只有具有非典型特征的个体才能够成就。我们很容易想象，只有少数几个强壮无比的人才能够举起巨大的石块。同样，只有很少几个人能够猜得出一个深奥的谜语，或者唱得出一个罕见的高音。在这些情况下，非主流个体是重要的。

绝大部分特征是以类似钟形曲线分布的，或者也叫“正态分布”。这个分布的意思是，我们大部分人都处于平均值状态，少数的人要离平均值远一些，只有极少数的人距离平均值很远。比如，美国男性的平均身高是5英尺9英寸（约1.75米），这个统计值的标准偏差（即随机抽取两个美国男性他们的身高差异）是3英寸（7.62厘米）。这也就是说，大概2/3的美国男性的身高在5英尺6英寸和6英尺之间（约1.68—1.82米之间），大概比1/6多一点的男性身高在6英尺以上。如果从平均值往远一点说，我们就会发现人数越来越少：大约每50人中有一人身高高于6英尺3英寸（约1.9米），每770人中有一人高于6英尺6英寸（约1.98米）。如果我们提高阈值，这个阈值以上的人数就会越来越少。现在，让我们考虑另一边，矮个子人群——让我们假设这个人群中男性的平均身高是5英尺6英寸（约1.68米），比美国男性的平均身高低一个标准差。尽管矮个子人群和美国全体男性这两组分布大部分是重叠的，但高个子出现的比例却大相径庭：身高在6英尺6英寸（约1.98米）以上的男性出现在矮个子人群中的比例比出现在美国全体男性中的比例要低至少40倍。

重要的是，一些特征的平均值上很小的改变就会对超越高阈值个体出现的频率有巨大的影响。如果一些重要的文化使命只能由一些特别善于解决特定谜题的个体去完成，那么即便这个人群平均解谜能力只有很少的改变，整体文化演化也很可能出现翻天覆地的变化。有许多其他因素也可能影响这些事件，然而因为遗传变化而出现的平均能力水平变化就是一个影响因素。而两个种类的影响因素（社会阶段性变化和拥有特殊才能个体出现的频率升高）可能都对现代科学的诞生做出了贡献。

一般人们说的科学，正式起源于16世纪的欧洲，标志是哥白尼（Nicolas Copernicus）在1543年发表的《天体运行论》。再早的历史时期中，比较接近现代科学的就是希腊文明和稍晚的阿拉伯文明中人们实践过的“原科学”（protoscience），然而它们也并不怎么接近。现代科学的生产力和强度远远超过了从前那些研究。其中一些最重要的欧洲科学家，比如牛顿、麦克斯韦和达尔文，他们作为个体的知识贡献超过了许多文明作为整体在许多世纪中的贡献。

我们相信科学研究要求许多善于（和感兴趣）解谜的人们之间的交流和合作。科学是一项社会工程，科学家永远不会真正单独地工作，他们的工作永远建筑在别人的工作之上。牛顿曾说：“如果我能看得更远，那是因为我站在巨人的肩膀上。”他应该是对此有所认识的。所以科学家群体的人数和他们的社会联系对科学的发展是关键。我们同时也知道平均能力的很小的变化就会对这类个体出现的频率有很大的作用。

而且你要知道，社会联系能力也有阶段性的变化。想象一下1450年欧洲一个刚刚发迹的资质平庸的科学家认识了另一些和他很相像的人，那些熟人又去结识其他科学家；但是因为当时这类人是很稀少的，欧洲潜在的科学家们组成了一个分散的小群体而不是一个大的社群。新想法和新发现都没有有效途径传播。我们设想如果这类人出现的频率增加，一些特定的临界值会有急剧的转化。很可能一下子所有小群体都建

立联系了，每两个成员之间都有交流的途径。有时候传染病的传播就有类似的现象：如果易感个体的数量和密度超过了一个特定的阈值，这个传染病肯定会蔓延至整个人群；如果低于这个阈值，疾病仅限于在小群体中爆发并渐渐消失。

因此，科学“革命”很可能就源自影响关键心理特征的基因的频率变化。那么什么特征会促使科学的诞生呢？抽象推理论证和数字能力的提高都可能有帮助，而且可能这类特征会在复杂的等级制社会中更受自然选择的青睐。虽然一般说来，我们认为没有直接的选择青睐创造力本身，有创造性的个体是对其他特征的自然选择偶然出现的副产品；这里指的是那些真正会在日常生活中得到报偿的特征，比如说低时间偏好[31]和建造复杂思想模型的能力。

我们的观点和那些认为适应性得益于创造力的人的观点截然相反。已经有证据显示诗人特别容易有躁狂抑郁的病症。[28]如果这个观点成立的话，那么根据那些人的说法，与躁狂抑郁症有关的等位基因频率应该会升高，因为诗人和其他很有创意的艺术家会得到社会回报。[29]当然，携带这些等位基因的人群中只有很少数人会成为诗人：大部分（在最近1000年中）都只是贫困的农民，很难看出躁狂抑郁症在那样的社会情境中能有什么益处。

事实上，诗人很少能取得很大的荣誉，他们的社会适应性在这个意义上是很低的，尤其是得了（具有高自杀率的）躁狂抑郁症的诗人。更笼统地说，创造性很少直接带来很大的适应性优势，因为好的新想法会被很快地复制，而复制者能得到相应的适应性优势而不必付出相关的代价。事实上，很显然在很长时间内革新者很少从他们的创新成果中收获许多好处。因此，公共政策致力于提高革新者的回报，比如说通过版权系统和对科学研究的公共支持。然而这类的支持还是有限的，而且是很晚近的事情，在人类历史和史前的长时段中，对创造力的直接自然选择看起来不太可能发生。

技术因素和社会影响因素必然对于增进社会连接非常重要：比方说，更好的交通、规律的邮政系统和印刷业起着至关重要的作用。虽然类似于印刷技术这样的发明无疑是很重要的，但这样的发明看起来就只是科学发展的充分条件，而不是必要条件；因为在大部分世界人口中，科学要么不存在，要么惊人地脆弱，即便在那些能接触到有利技术因素的人群中也是这样。如果一个地区或一个人群能够从知识中获得重大的好处，那么科学在这个群体中就是真实和有生命力的，反之就不是这样了。以这个标准评价，现在在撒哈拉沙漠以南非洲以及其他某些地方，科学都是不存在的。[\[30\]](#)

虽然我们迄今没有完全理解科学和工业革命的真正起因，但现在我们必须开始考虑持续的人类演化对这个过程做出贡献的可能性了。它能解释我们看到的一些奇怪的历史模式。比方说，如果当时人们没有一定程度的演化变化，那么模仿希腊科学所带来的失败就不可避免了。进一步说，这种想法或许有助于解释为何一些在农业生产和创建国家方面更早起步的人类群体会更容易参与到科学和工业革命中来，而那些起步晚的则不会。尤其我们想到阿什肯纳兹犹太人的经历，他们中的许多个体对晚些出现的两次科学和工业革命起了重要影响，而他们正是被这一类演化所塑造的——跨越历史时期的演化。

[\[1\]](#)A.G.Maier et al.,“*Plasmodium falciparum* Erythrocyte Invasion through Glycophorin C and Selection for Gerbich Negativity in Human Populations,”*Nature Medicine* 9,no.1(2003)87—92.

[\[2\]](#)T.J.Vullaimy et al.,“Diverse Point Mutations in the Human Glucose-6-Phosphate Dehydrogenase Gene Cause Enzyme Deficiency and Mild or Severe Hemolytic Anemia,”*Proceedings of the National Academy of Sciences* 85,no.14(1988):5171—5175;Bernadette Modell and Matthew Darlison,“Global Epidemiology of Haemoglobin Disorders and Derived Service Indicators,”*Bulletin of the World Health Organization* 86,no.6(2008):480—487.

[\[3\]](#)Richard Carter and Kamini N.Mendis,“Evolutionary and Historical Aspects of the Burden of Malaria,”*Clinical Microbiology Reviews* 15(2002):564—594;Matthew A.Saunders et al.,“The Extent of Linkage Disequilibrium Caused by Selection on G6PD in Humans,”*Genetics* 171,no.3(2005):1219—1229;Jun Ohashi et al.,“Extended Linkage Disequilibrium surrounding the Hemoglobin E Variant due to Malarial Selection,”*American Journal of Human Genetics* 74,no.6(2004):1198—1208.

[4]Meredith E.Protas et al.,“Genetic Analysis of Cavefish Reveals Molecular Convergence in the Evolution of Albinism,”*Nature Genetics* 38,no.1(2006):107—111.

[5]Gwynneth Stevens et al.,“Oculocutaneous Albinism(OCA2)in Sub-Saharan Africa:Distribution of the Common 2.7-kb P Gene Deletion Mutation,”*Human Genetics* 99,no.4(1997):523—527.

[6]Zanhua Yi et al.,“A 122.5-Kilobase Deletion of the P Gene Underlies the High Prevalence of Oculocutaneous Albinism Type 2in the Navajo Population,”*American Journal of Human Genetics* 72,no.1(2003):62—72.

[7]John R.Baker,*Race*(New York:Oxford University Press,1974),279.

[8]Benjamin F.Voight et al.,“A Map of Recent Positive Selection in the Human Genome,”*PLoS Biology* 4,no.3(2006):e72.

[9]W.P.Rock et al.,“A Cephalometric Comparison of Skulls from the Fourteenth,Sixteenth and Twentieth Centuries,”*British Dental Journal* 200(2006):33—37.

[10]Scott H.Williamson et al.,“Localizing Recent Adaptive Evolution in the Human Genome,”*PLoS Genetics* 10(2007).

[11]Ibid.

[12]John Hawks,“Adaptive Evolution of Human Hearing and the Appearance of Language,”Seventy-Seventh Annual Meeting of the American Association of Physical Anthropologists,April 11,2008,Columbus,Ohio.

[13]John Reader,*Africa:A Biography of the Continent*(New York:Knopf,1998).

[14]Gregory Clark,*A Farewell to Alms*(Princeton,N.J.:PrincetonUniversity Press,2007).

[15]J.Rousseau,*The Social Contract*(Baltimore:Penguin Classics,1968).

[16]John Robert McNeill and William H.McNeill,*The Human Web:A Bird’s-Eye View of World History*(New York:W.W.Norton,2003).

[17]Robert C.Allen,“Agriculture and the Origins of the State in Ancient Egypt,”*Explorations in Economic History* 34,no.2(1997):135—154.

[18]Laoise T.Moore et al.,“A Y-Chromosome Signature of Hegemonyin Gaelic Ireland,”*American Journal of Human Genetic*.78,no.2(2006):334—338.

[19]Rene Grousset,*The Empire of the Steppes:A History of Central Asia*(New Brunswick,N.J.:Rutgers University Press,1970).

[20]Mark G.Thomas et al.,“Evidence for an Apartheid-Like Social Structure in Early Anglo-Saxon England,”*Proceedings of the Royal Society B:Biological Sciences* 273,no.1601(2006):2651—2657.

[21]Robert Sallares et al.,“The Spread of Malaria to Southern Europe in Antiquity:New Approaches to Old Problems,”*Medical History* 48,no.3(2004):311—328.

[22] 罗伯特·伯恩斯的歌《那是为了甜蜜的贫困吗?》(*Is There for Honest Poverty*)就因其强烈支持平均主义而很出名,它更广为人知的名字是《一个人就是为了那事儿》(*A Man's A Man for a' That*)。

[23] Jesse L. Byock, *Viking Age Iceland* (New York: Penguin, 2001).

[24] Daniel G. MacArthur et al., "Loss of ACTN3 Gene Function Alters Mouse Muscle Metabolism and Shows Evidence of Positive Selection in Humans," *Nature Genetics* 39, no. 10 (2007): 1261.

[25] William D. Hamilton, *Narrow Roads of Gene Land: The Collected Papers of W. D. Hamilton*, vol. 1, *Evolution of Social Behaviour* (New York: Oxford University Press, 1998).

[26] Jared Diamond, *Guns, Germs, and Steel: The Fates of Human Societies* (New York: W. W. Norton, 2005), 417.

[27] Valerie Bockstette et al., "States and Markets: The Advantage of an Early Start," *Journal of Economic Growth* 7 (2002): 347–369; Douglas O. Hibbs and Ola Olsson, "Geography, Biogeography, and Why Some Countries Are Rich and Others Are Poor," *Proceedings of the National Academy of Sciences* 101 (2004): 3715–3720.

[28] Kay R. Jamison, *Touched with Fire: Manic-Depressive Illness and the Artistic Temperament* (New York: Free Press, 1993).

[29] R. M. Nesse and George C. Williams, "Darwinian Medicine," *Life Science Research* 3 (1999): 1–17.

[30] P. A. Hoodbhoy, "Science and the Islamic World—The Quest for Rapprochement," *Physics Today* 60, no. 8 (2007): 49–55.

[31] 时间偏好,就是人们对现在的满意程度与对将来的满意程度的比值。通俗地说,时间偏好是指“现在就要,还是以后再要”。——编者注

第五章 基因流

基因史

传统上，基因学家们通过追踪基因的流动来研究人口的起源和转移。他们研究Y染色体的特定变异，从而确定亚洲的哪一支族群跟美洲印第安人血缘最为接近。^[1]他们尝试确定在多大程度上现代欧洲人衍生自旧石器时代早期那些采用了农业的古代欧洲居民，又有多大程度起源于新石器时代从中东迁来的移民。^[2]研究者还利用线粒体DNA（mtDNA）和Y染色体的数据来寻找某个混血群体的父系和母系祖先——例如，他们发现大多数墨西哥人的Y染色体来源于西班牙人，而其线粒体DNA则来自美洲印第安人。^[3]他们也尝试用这种方法分析其他古代的人口流动，尤其是人类首次走出非洲的壮举。

有两种视角可以看待这些特定基因变异类型提供的信息。第一种，在目的为确定父系和母系源流的分析中，研究者的兴趣只在于这些基因变异标示了怎样的人口流动和混合过程，而不关心这些基因变异本身的功能。他们假定每个Y染色体的功能是一样的，所有线粒体DNA的变异也具有同样的性质：换句话说，它们是中立的。可是，如果它们的性质有所区别，比如说，假使某些Y染色体变异的携带者会比其他种类变异的携带者有显著的体格上的优势，整个这种传统分析方法就应该被质疑，尤其是被用于回溯到久远的史前时代。

我们采取第二种视角，关注等位基因的效用，正因为这些效用有实质上的区别。总体而言，我们关注的是人口的流动和混合怎样推动新

的、更具适应性的变异传播，而不再考虑怎样利用这些变异来帮助我们追踪人口流动。

每一种新的突变都始于一个个体身上的一次复制，任何罕见但是却有益的重要突变都不例外。它是个别的。如果它想变得重要，以至于能影响全体人类中的相当大一部分，它首先必须得到传播。从全局来看我们可以理解，只有通过广泛传播，那些在最近促使人类进化加速的大批有益突变才能够起效。假定我们的理论是正确的话，许多这样的突变正在横扫世界人口的大部分，这意味着在今天，一个普通人身上也携带了大量这种新的有益基因。很可能你跟你几千年前的祖先在基因构成上已经有显著差别。尽管自然选择几乎不可能总是朝着对我们有利的方向进展，许多的适应性变化仍然带来了积极的效果。不管怎么说，我们的物种还在欣欣向荣地发展。

像兔子一样繁殖

1859年，澳大利亚拓荒者托马斯·奥斯汀在他的农场巴尔汶园里放生了24只野兔，其他一些澳大利亚农夫也随之效仿。兔子在6个月大时就达到性成熟，妊娠期仅需要31天。在理想的环境下，兔子的数量一年就能翻四番。想象一下澳大利亚第一个野兔种群的增长：第一批24只，1年后变成100只，5年后就是2万只，10年后就是2500万只。现实基本上如此：10年之后，就算每年射杀或设陷阱捕捉200万只兔子，对它们的种群数量还是几乎没有影响。

最初的增长并不是很快：在一片跟美国本土一样广阔的大陆上，1年多出75只还并不怎么吓人。但随着兔子种群的扩大，增长的数量也越来越大。换一种算法来说，每年的增长速度是恒定的，但是同样的速度随着时间推移被乘以越来越大的兔子的基数。一个起初不起眼的事件，在10年内就几乎让一整块大陆兔满为灾。比起填满一个农场，填满一块大陆只用了多两三倍的时间。

一个有益的等位基因，例如能够使人耐受乳糖的基因，按大致同样的方法扩散，尽管由于人类世代比兔子的世代要长上许多，这个过程需要数千年，然而一个群体必须“充分混合”，基因才能迅速扩散，这样的情况并不常发生，因为长距离上的基因混合——跨越河流、山脉、沙漠和大洋，或者穿越敌对的部落——很少自动发生。有时发生，有时不行。基因扩散很大程度上取决于历史——反过来，它们又影响了历史进程。

扩散是怎样发生的？

每一次选择性的基因扩散都源于一个精子或卵子里DNA的一处改变。这种改变可能由化学物质、放射线或仅仅只是分子的错误搭配导致，但对我们来说，最重要的是的确出现了改变。足以诱发基因扩散的有利突变是极其稀少的。一份人类DNA包含大概30亿个核苷酸，而平均一个人会产生100个左右的新突变。大部分这些突变都发生在没有任何作用的DNA里——就我们所知，只有2%的DNA是实际起作用的——但是平均有两到三个突变发生于实际起作用的DNA。即便如此，它们一般不会造成任何显著的积极或消极影响。

如果一个突变会造成显著影响，这种影响几乎总是消极的：就像一台极其精密的机器，任何一点改变都可能带来严重后果。有时一个核苷酸上的改变就足以致命或造成严重残疾。举例说，软骨发育不全症是最常见导致侏儒身材的病症，它仅仅由6号染色体上的一个核苷酸突变引发，而且几乎总是同样的一个突变。这样的消极等位基因很少变得普遍：它们的携带者产生的后代数目低于平均水平，因此下一代会携带更少的副本。只有极罕见的情形下，一个突变才会有积极效应，带来有益后果。这些稀有却极其重要的事件就是进化的基础材料。

利莫内苏尔加尔达

1980年，意大利科学家发现在意大利北部湖畔小村利莫内苏尔加尔达（Limone sul Garda）的一名男子有很低的高密度脂蛋白（一种“好”胆固醇）水平，以及高水平的甘油三酯，但却没有心脏疾病的迹象。他的双亲都活到高寿。好奇的科学家们测试了利莫内的全部1000名居民的血液，发现共43人有这种不寻常的血脂水平。当地教堂保存了过去数个世纪的出生记录，使研究者得以确定所有43人的家谱都追溯到同一对1780年结婚的夫妇（乔凡尼·波马罗里和罗莎·焦瓦内利）。^[4]这一谱系特征提示着这些村民共享一个突变，事实证明这是在一个名为ApoA-I（Apolipoprotein A-I）的蛋白质上的突变，而这种蛋白质是高密度脂蛋白的主要成分之一。ApoA-I帮助从动脉清除胆固醇，但村民们的这种变体ApoA-I_M（M代表米兰）显然功效更佳。一个核苷酸上的突变改变了蛋白质里的一个氨基酸，完全改变了它的化学性质。



利莫内苏尔加尔达

ApoA-I_M比起标准版本的蛋白质更能有效地清除动脉里的胆固醇，因此携带者对动脉粥样硬化有更高的抵抗力，罹患心脏病和中风的可能性更小，寿命更长。^[5]不仅如此，在老鼠身上的实验重复了ApoA-I_M突变的效果，老鼠更不容易产生动脉粥样斑块。^[6]早期测试显示静脉注射合成的ApoA-I_M在人类身上甚至能使已经存在的动脉粥样斑块减小，这是独一无二的。

从已有的记录来看，这一突变似乎在数量上有所增加，经过十代人的时间从一份拷贝变成43份。这也许可以归于运气和普遍的人口增长，但让我们暂且假定对心肌梗死和中风的免疫使得携带突变的个体数目逐渐增长。如果给它几千年的时间，会发生什么？

假设它的实际长期优势为7%，那么携带者会比普通人产生多7%的后代。这样一来，估计经过6000年左右，大部分欧洲人都会携带这一基

因。当然，这需要假设欧洲在6000年后依然存在，而且到了那时候我们还没能发明出治疗动脉粥样硬化的普遍方法，或者机器人还没有统治人类。我们深知未来的不确定性，就暂且姑妄听之吧。

6000年后的成功听起来并不怎么有吸引力，然而在有记录的历史之初一个小村庄里产生的具有类似优势的突变将会有足够的时间，用同样的办法变得普遍。这种预测假设了基因和人群经过了充分混合，但是利莫内小村显然不是这样的。这个村庄相当孤立，被群山和湖水隔离，直到20世纪30年代才有第一条公路。孤立并不能增加或减少有益突变出现的概率，但把携带者集中在一个村庄很可能使他们更加醒目。不管怎样，孤立必定阻碍了基因的传播。

那么在数千年前，一个有益的突变是怎样扩散的？

邻家女孩

今天，很少村庄会像利莫内一样与世隔绝。大多数都有毗邻的村镇以及交通往来。人们常常造访住家附近的地方。基因流动最简单也是最古老的方法——在邻近村庄间婚嫁——仍然占据主流。通常这意味着女性离开家，加入丈夫的群体，在黑猩猩身上我们就已经观察到这种古老的模式。村际接触自从人们定居在村落以来就一直是基因流动的重要因素，也是有益等位基因传播的最重要途径。只要时间充分，等位基因可以通过婚姻传出数千里之远。一个群体或村庄里产生的有益等位基因得以借由通婚逐渐传播到邻近的群体，以及他们的邻居，以此类推。具有更大益处的基因会比具有较小益处的基因传播得更为迅速。

运用简化过的前提，可以用数学公式描述一个适应性等位基因的传播模式。这种模式认为有益等位基因的频率以恒定速度的波形传播。速度取决于选择性优势和父母跟子女出生地之间距离的平方平均数。如果我们称婚姻距离为 σ ，等位基因的选择性优势为 s ，传播速度则约为

$$\sigma \times (2S)^{\frac{1}{2}} \text{ 里/代。}$$

狩猎兼采集者可以高度机动，且由于大部分晚近的狩猎兼采集者都非常分散，通常你没法找到邻家女孩。因此狩猎兼采集者，尤其是住在地广人稀地带的，只能在很长的距离上寻找配偶。一代人之前，当大部分布须曼人还能够自由漫游的时候，他们的平均婚姻距离超过40英里。这在史前时代可能并不典型。在农业出现前的年代，每个人和他的兄弟都是狩猎兼采集者，大部分都住在丰饶的地区，而不是像卡拉哈里沙漠那样仍然保存了游猎生活方式的边缘地带。在那种环境下，人口密度可能会比今日的布须曼人要高，人们无须跑很远去寻找配偶。农业明显带来了聚居生活。农民通常跟住在邻近的人结婚，至少因为附近就有足够

多的对象可供选择。阿兰·菲克斯（Alan Fix）最近讨论了一个例子，基于150年前英格兰乡村人口稠密地区的普查记录，平均通婚距离只有6到7英里（约9.7—11.2千米）。[\[7\]](#)

想象一个具有5%优势的等位基因，在一个充分混合的群体中它能在8000年左右的时间内达到较高的频率。在布须曼人那样的狩猎兼采集者中间，等位基因平均以约9英里（约14.5千米）/代的速率传播，而在农业人口中间这个速度约是1至2英里/代。由于最近的人类进化的重点看起来是被农业带来的变革推动的，且让我们估计在农业人口中传播的速度为1.5英里（2.4千米）/代，那么从农业诞生起经过400代（每代按25年计算），具有5%优势的基因应该扩散到600英里（约965.6千米）以外。

尽管这种扩散基因的方式简单、普遍而且易懂，但这并不是唯一的方式，而且它也太慢了。只要计算一下，就会发现它很难解释在给定的时间内等位基因何以旅行了这么远的距离。同样的问题出现在对橡树在英格兰的传播的解释上。15000年前的冰川时代，橡树在英格兰绝迹，或者几乎绝迹——橡树没法在数千英尺的冰层下生长。可能有那么几棵在南方河谷提供的荫底下苟延残喘。然而今天它们遍布全岛——无疑了不起，但它们是怎么做到的？橡树当然不可能传播得非常快，因为橡子总不会落在离树很远的地方。

答案是发生了一些不寻常的事件，并且频繁到使橡树传播的速度大大增加，远在依赖落在树附近的橡子进行扩张的速度之上。偶尔一只鸟会衔走橡子，到其他橡子无法企及的远方，从此生发出一片橡树林。一颗橡子也可能沿河漂流，到很远的地方生根发芽。也许在冰盖融化后第一批来到不列颠岛定居的人类携带着橡子，并且在向北方远征狩猎的途中不慎掉落了几颗。扩散的速度更多地取决于这些不寻常的长途时间，远胜于依赖重力和松鼠。

因此，尽管本地通婚是通常的情形，更罕见、更奇特和更复杂的事件才最有可能决定了人类携带的有益等位基因的传播速度。

基因流动的障碍

自然，在过去数千年里也存在着若干阻碍或减缓基因流动的因素。

大西洋和太平洋就是重要的障碍。在哥伦布到来前，新旧大陆的人们几乎没有任何往来。从印度尼西亚或巴布亚新几内亚出发前往澳大利亚要比去美洲容易。从大概1720年起，确实有印度尼西亚的海参捕捞者到达澳大利亚北部海岸。除此之外肯定还有其他早期的接触，但从我们所知的澳大利亚原住民的Y染色体和线粒体DNA变异来看，基因流动的数量并不大。^[8]北部海岸对印度尼西亚或东南亚的开拓者而言缺乏吸引力，可能是因为该海岸的环境不适宜开展他们习惯的农业。再说，在农业环境里具有适应性的新等位基因在澳大利亚可能并没有什么优势，因此即便曾经引进了某些等位基因，它们很可能并没有得以广泛传播。

沙漠是很重要的阻碍。在北非和其他环地中海地区之间有丰富的基因交流，尤其在发明航船之后；但撒哈拉沙漠显然干扰了跟撒哈拉以南非洲之间的来往。障碍并不是绝对的，撒哈拉沙漠的环境在新石器时代早期比现在要友好得多。后来，驯化骆驼使穿越撒哈拉的旅途变得容易，同时欧洲和阿拉伯的奴隶贸易最终将非洲的等位基因带到世界各地。

尽管如此，我们知道在过去基因向撒哈拉以南非洲的流动相当有限，因为在苏丹和埃塞俄比亚若干畜牧民族中几种促进乳糖耐受的本地突变十分普遍，然而欧洲的同类基因要出现得早得多：如果有相当多的基因流入撒哈拉以南非洲，欧洲版本的突变就应该占据优势。事实上，哪怕就只有一个携带欧洲乳糖耐受基因者在青铜器时代就定居在苏丹，他都会有很大机会将其引入本地人群，起到基因奠基者的作用。撒哈拉沙漠使这样的接触变得稀少，同时热带疾病，例如疟疾或黄热病，可能

也起了干扰作用，正如它们在日后欧洲殖民的尝试中一样。撒哈拉以南的本地非洲人对这些疾病有足够的抵抗力能够存活下来，而外来者很少能够经受得住。

大多数的山脉会影响基因流动，但它们并不是无法逾越的绝对障碍。喜马拉雅山脉是一个例外。从我们现今掌握的有限数据来看，印度跟欧洲以及中东共享了很大一部分有益的新等位基因，和中国的混合程度却较低。由于喜马拉雅山脉是地球上最高的山脉，背靠着青藏高原，有理由相信它大大降低了印度和中国之间，甚至欧亚大陆东端和西端之间的基因流动。

挡在途中的其他群体肯定是减缓基因流动的最重要的力量之一。许多帮助人们适应农业生活的等位基因可能发轫于中东，因为农业就是从那里起源的。当我们考虑这些等位基因是怎样抵达西欧的时候，应当记住这两地之间相隔不过数月的步行距离，然而农业在西欧的发展却晚得多。如果人们的确能自由来往两地，你会期望基因比事实上传播得要快得多。问题在于潜在的长途旅行者很快就会遭遇说不同语言和遵守殊异风俗的其他群体。其中有的是敌人，而全部都对陌生人怀有戒心。从其他群体中穿过是非常困难的，因此长途旅行几近不可能。

在《第三种黑猩猩》一书中，戴蒙德描述了巴布亚新几内亚高地的这种现象，当地是世界上最后几处未与外界接触的地区之一。他写道：“当我居住在新几内亚西部埃洛皮（Elopi）部族中间时，我想穿过邻居法尤（Fayu）部族的领土去附近的一座山。埃洛皮人诚恳地向我解释说如果我这么干，我会被法尤人杀掉。从新几内亚人的角度来看，这非常自然和明白。法尤人当然会杀死任何入侵者，你不会蠢到相信他们会任由陌生人在他们的领土上游荡吧？陌生人会捕捉他们的猎物，骚扰他们的女人，带来疾病，或者侦察地形以便日后发动入侵。”^[9]在和外界接触之前，新几内亚高地居民一生都不会离开村庄到数英里之外去，就我们所知，没有人见过100英里外的大海。很可能史前时代的所有人

都是这么生活的。

基因流动的历史模式

贸易使得人们有理由跨越或绕过这些障碍去旅行，因此贸易在协助人类基因流动上发挥了重要作用。尽管它对基因流动的影响不如征服和殖民那么剧烈，但它仍然十分重要，尤其在航船发明之后。水手和酒吧女招待，就像流动商贩和农夫的女儿那样，在晚近的人类进化史上扮演了关键角色。

贸易——或更准确地说，是商人——通过各种交流的途径，沿着海上航路，溯回通航的河流，在村庄和市集之间传播新的等位基因。在早期，贸易常常以半军事远征的面貌出现，例如埃及派遣贸易探险团前往埃塞俄比亚和厄立特里亚北部的旁特地区寻找金子、奴隶、乌木和象牙，或者如阿卡德的萨尔袞那样的美索不达米亚诸王在黎巴嫩寻求雪松木。

贸易联结相距遥远的文明，尽管并非全部文明，也不是从未间断，这一进程早在有历史记载之初就已经开始。有证据表明，印度河谷文明和阿卡德帝国治下的美索不达米亚早在4000多年前就已经开始贸易，美索不达米亚的谷物和羊毛从“梅鲁哈”——相信是指印度河谷文明——换来木材和象牙。我们在乌尔和巴比伦均发现印度河谷制造的圆柱形印章，以及关于一个由梅鲁哈来的商人居住的村庄的记载，这些人最终变为本地的民族熔炉之中又一种成分。这正是在传递新的有益等位基因中扮演重要角色的那种接触：印度河谷文明的人们跟美索不达米亚人可能面临着相似的选择性压力，且他们相距足够遥远，以至于通过本地婚姻实现的基因流动需要很长时间才能抵达那里。这种接触发生在很久以前，由此被引进中东的有益等位基因拥有160代人的充分时间进行扩散。

殖民

影响基因流动的其中一种主要迁移模式是在地中海和黑海沿岸由地中海东部移民建立的殖民地。早在青铜器时代晚期，走海路长途旅行就已经更容易、更经济，至少你不需要从定居已久的各个族群之间杀出一条路来。长途贸易催生了殖民地的设立，有些从贸易据点变来，而贸易提供了航海技术和地理知识的基础，使这些奠基性的远征变得可能。

殖民者——埃特鲁里亚人、希腊人、腓尼基人——从中东或居住着大量早期中东农耕者的地区迁徙而来。他们肯定带来了许多在农业环境下具有适应性的新等位基因，他们的航程也许把这些基因的大批拷贝传播到地中海西部。

腓尼基人是住在现今黎巴嫩海岸上一系列城邦里的一个民族，他们在地中海沿岸多处都进行贸易活动。他们沿着贸易路线的停泊港和贸易据点逐渐变成了殖民地，有一些最终发展成大型城镇。这些殖民地中最大和最重要的是突尼斯的迦太基，后来一度成为罗马的头号竞争对手。很多腓尼基殖民地今天仍然存在：西西里的巴勒莫和马尔萨拉，撒丁岛的卡利亚里，摩洛哥的丹吉尔，以及西班牙的卡迪兹和卡塔赫纳。腓尼基殖民地似乎在地中海西岸传播了乙型海洋性贫血其中一种常见的变体，这是一种能够抵抗疟疾的等位基因，很有可能起源于北非。[\[10\]](#)

希腊人的殖民规模更加庞大：单一个城市米利都（Miletus）就支持成立了90个殖民地。有一些是为了商业上的好处成立的，有一些是内部斗争中失利者的庇护所，还有一些是为了解决人口过剩问题建设的。希腊人在西西里和意大利南部建立了大量殖民地，随后被称为“大希腊区”，包括现在的叙拉古和那不勒斯。在黑海沿岸也有为数不少的希腊殖民地，还有的在法国南部（比如马赛）、遥远的西班牙和利比亚。看

来希腊人至少传播了两个他们自己身上的抗疟疾基因变异，一个是一种不同版本的 β 海洋性贫血，另一个是某种6—磷酸葡萄糖脱氢酶（G6PD）缺乏症。抗疟疾基因可能不是腓尼基人和希腊人传播的唯一一种适应性等位基因，它们只是被研究得最全面而已。近来的全染色体组研究显示，许多基因都在近期的选择压力下上升到高频率，显然是对农业带来的新生活方式的一种反应，而这其中的大量适应性等位基因很可能就是通过殖民地扩散开来的。

新的基因研究辨认出第三波重要的殖民，这次是从土耳其来的东部居民殖民意大利西北部，亦即埃特鲁里亚人。他们是一支谜样的民族，操一种我们尚未能完全解读的非印欧语系语言。埃特鲁里亚人对罗马艺术、建筑和宗教的影响巨大。关于埃特鲁里亚人的起源，一直以来众说纷纭，考古学家大多认为他们的文化起源于意大利，尽管有一些古代文献，例如希罗多德的记载，声称他们来自吕底亚，也就是土耳其西海岸的一个地区。最近的研究指出托斯卡尼（即埃特鲁里亚人在意大利的故土）的一些人群拥有近东的线粒体DNA^[11]，而一些本地特有的牛种也携带中东牛种独有的线粒体DNA^[12]，因此确定埃特鲁里亚人的小亚细亚起源。

埃特鲁里亚人给罗马的民族混合加进了一剂对农业生活适应良好的中东等位基因。我们有理由相信这些等位基因不仅影响了新陈代谢和抵抗力，也塑造了态度。它们有没有帮助罗马崛起？大有可能。

看得出，你去过阿富汗

军事行动也让优势等位基因跨越长距离和地理障碍。亚历山大大帝就提供了一个突出的例子。在光辉的戎马生涯中，他的铁骑东进直到现在的巴基斯坦，直至他突然染病身亡。

他让希腊人定居在中东幅员广阔的地域，还建立了在阿富汗和巴基斯坦延续多年的希腊化王国。这些王国不仅仅影响了佛教艺术的发展，它们还传播了等位基因。今天，在阿富汗的主体民族普什图人身上，还存在着好些古希腊人的Y染色体。[\[13\]](#)同时，在普什图人蔑视的邻居哈扎拉人身上，我们发现成吉思汗本人传下来的Y染色体。[\[14\]](#)光靠本地通婚，基因绝对无法传播得这么快，但是成吉思汗和亚历山大的行为影响就可以做到这一点。

如果区域性的Y染色体变异（就我们所知并没有特别的内在适应性优势）能够传播这么远，其他亚历山大时代在希腊普遍的有益突变必然也能做到。每个这样的等位基因都有足够的机会在今天的阿富汗广泛分布。那些蒙古等位基因则不一定，因为它们只传播了相当于亚历山大时代基因1/3的时间。在这些长距离传播的情况下，联系发生得越早就越重要。同样，大批的人口输送会比少量迁移有更大的效应。

失落的部族

有时，帝国政治在基因散布过程中扮演着重要角色，尽管这些过程通常并不愉快。强制移民在战争时期是一种常用的战术手段，看看今天的前南斯拉夫和车臣，或者古代的亚述就知道了。公元前742年，提格拉特帕拉沙尔三世把大概3万人从今天的叙利亚北部流放到伊朗西部的扎格罗斯山脉；公元前707年，萨尔贡二世强制迁移了10万巴比伦人，辛那赫里布在公元前703年又流放了20.8万人。史上最臭名昭著的强制移民发生在公元前722年，亚述帝国征服了北以色列王国，捣毁后者的首都并流放其子民。

这些人口迁徙不只是为了惩罚他们，还为了斩断本土精英和传统的联系，为军事占领的需要清空战略要地，以及为亚述帝国提供劳力和士兵。300多年的迁居政策估计造成超过400万人被迫背井离乡。这些行动引起大规模的民愤，或许反而加速了亚述帝国的崩溃，但它们无疑也在两河流域传播了等位基因。还有其他著名的强制迁居例子。公元前586年巴比伦帝国击败了以色列南部的犹太王国，把后者的部分居民迁到美索不达米亚。公元前538年波斯帝国取代了巴比伦之后，居鲁士大帝允许他们回乡。

一则亚述王的传奇

撒马提亚人是来自乌克兰南部的草原游牧民族，说一种伊朗语。古典时代的历史家卡西乌斯·狄奥说：“撒马提亚人是一个未开化的野蛮民族……本性好战，因喜欢在身体上彩绘以使自己在战场上更令人生畏而闻名。他们非常放荡……他们一般住在山上，居无定所，睡在马车里……他们依靠劫掠生活，以马奶混合马血做主食。”^[15]

他们的重装步兵远近闻名，装备长矛、长剑和弓箭作战。罗马人在公元92年曾与其交手，领教过他们的厉害。公元175年，马可·奥勒留雇用8000名撒马提亚人为罗马作战，派遣其中5500人前往不列颠北部。起初他们隶属于当地其中一个罗马兵团，罗马第六胜利军团（*Legio VI Victrix*），但当他们的合约期满后，他们就在兰开郡一处军事殖民地定居下来。他们明显不曾归乡，因为几乎250年后，该殖民地仍被提及。

想象一下，我们在人类基因组单体型图（HapMap）上看到的那些等位基因之一起源于不列颠岛东边的远方——可能远至哈萨克斯坦——数千年之前的群体，有可能属于安德罗诺沃文化。假设该等位基因具有重大的选择优势，且在撒马提亚人为罗马作战时，它已经在操伊朗语的人群中间变得普遍。马背上游牧民族高度的流动性使基因扩散变得容易，然而当时这一等位基因还没有抵达西欧。如果光靠邻家女孩帮忙传播基因，它要抵达不列颠至少还得花几千年。

相比之下，撒马提亚人的军事殖民地可以一下子把几千份这种假设的等位基因拷贝带进兰开郡。撒马提亚骑士们待遇应该不错，因此理应至少跟不列颠人生育平均起来一样多的后代。从公元175年在英格兰0.1%的基因频率开始，这一假设的等位基因到今天很可能已经高频出现于英格兰的人口。贸易和战争确保新等位基因在整个不列颠岛迅速传

播，而这两者，尤其是战争，在不列颠无疑从不匮乏。

撒马提亚人也传播了新观念。他们有一些十分有趣的宗教信仰和传说，部分仍保存在他们的后裔、住在高加索山地的奥塞梯人那里。好些传说听起来分外熟悉——特别是这样一个故事，一位垂死的武士要求他的挚友把他的剑丢进湖里，以免它被敌人缴获。他的挚友不忍心把这样一口宝剑抛弃，两次假装已经按要求去做，但剑的主人一听回报就知道他没有做到。第三次他终于把剑扔向湖水，却突然有一只女人的手从水中伸出，抓住宝剑。

这么说来，撒马提亚人也许引进了亚述王传说的关键情节，数百年来一直作为书本、诗歌和电影的主题流传。一个好故事能跨越重洋，一个好等位基因也行。它们之间有相似之处：一次简单的接触就能传递观念，如果它落在一片沃土的话，也就是说，人们喜爱这个观念并重复它。同样，一次早已湮没于历史的罗马军队调动可能在不列颠的基因史上扮演了关键角色。只要时间充足，几份有益等位基因的拷贝能迅猛增殖：英国人平均下来只有一星半点儿的撒马提亚血统，但就某个关键基因看来，他们大部分都是撒马提亚人。

蓝眼睛

一个强大的国家会在内部通过贸易、自由流动或者有时强制迁移维持基因的流动。另一方面，它又倾向于限制外部基因流入，尤其当它以军事力量巩固边界。一旦这样一个国家分崩离析，就会有大规模的人口流动，部分是由于没有人再去戍卫边界，但更多的是因为在帝国长期的和平统治之后，人们丧失了他们的军事习惯。在古典时代，没有围墙的城市就是国内相对安稳局势的显著标志。

罗马帝国的覆灭遵循这种模式。随着国家衰弱，许多外来民族侵入。早先这些外来者经常作为雇佣兵服务于帝国，但最后有一些倒戈变为强盗。这些入侵者带来新的等位基因。我们会讨论这里面最引人注目的汪达尔人。我们认为他们可能在传播一种广泛的特定等位基因上起到了重要作用，这种等位基因负责的是蓝色或绿色眼睛。

蓝眼在欧洲人及其后裔中相当普遍，在邻近人群中也有发现，但在世界其余地方完全不存在。看起来一万年还没有蓝眼的人。存在其他颜色的虹膜，一些别的基因也决定虹膜颜色，但蓝眼最终取决于一个基因（OCA2，即白化症2型，第四章亦有讨论）上的一种新等位基因。确切而言，造成蓝眼的是控制OCA2表达的一段DNA的一个变化，这段DNA位于OCA2旁边的HERC2。[\[16\]](#)该等位基因决定了欧洲75%的虹膜颜色变异。它是在欧洲人身上第三长的单倍型，因此不可能非常古老。对OCA2相关的未重组区域的分析认为它起源于约6000至10000年前。蓝眼在北欧最为常见，集中在波罗的海一带。最简单的解释就是这个等位基因源于该地区中心，现在那里的蓝眼频率仍然很高，因此最佳估计就是它在约6000年前发生于立陶宛的一个村庄。



一名图阿雷格人，即撒哈拉沙漠游牧柏柏尔人

很明显，这个等位基因的传播并不是娶个邻家女孩那么简单。在摩洛哥阿特拉斯山脉的柏柏尔人，甚至撒哈拉沙漠里的图阿雷格人身上，都能发现浅色眼睛。浅色眼睛在伊拉克与伊朗交界的扎格罗斯山脉居住的库尔德人中间颇为普遍，但一直到距维尔纽斯3000英里的阿富汗都有出现。为了解释这一现象，我们需要好好做一番历史考证。在这里，基因才是我们的注意焦点，而不是战争或国王。

让我们从柏柏尔人开始。因为地中海的阻断，OCA2的等位基因明显不能通过农民邻居间的通婚扩散。有可能摩洛哥人的蓝眼由某种本地突变引起，跟欧洲流行的并不相同。但是我们在地中海沿岸发现的都是同一种单倍型，因此很可能摩洛哥人拥有的也是同一种突变；这样一来，将该基因带进北非的首要嫌疑就是蛮族和海盗。



浅色眼睛的阿富汗少女

蛮族先登场。趁着罗马帝国的最后一丝余晖，日耳曼人和其他人群整族整族地开始穿过罗马边界迁移。汪达尔人是最麻烦的。通常认为他们起源于瑞典南部，公元前120年左右搬到了西里西亚（现在波兰东部地区）。到公元3世纪，他们又移到了罗马尼亚西部和匈牙利一带，从那里渗透进入罗马帝国的疆域。公元400年左右，他们开始西迁（跟他们的盟友阿兰人和苏维汇人一道），于公元406年的最后一天跨过冰封的莱茵河。他们先是洗劫了法国，然后一路烧杀抢掠穿过阿基坦，于公元409年下半年翻过比利牛斯山。从南俄草原来的操一种伊朗语的阿兰人在葡萄牙建立了一个王国，而苏维汇人在加里西亚定居下来。

汪达尔人很快面临来自西哥特人的压力。西哥特人是另一支中世纪

日耳曼部落，这时已经摧毁了阿兰人的王国。汪达尔人和剩余的阿兰人总共约8万人于公元429年从西班牙渡海进入非洲。新的汪达尔王国依靠偷来的舰队掌控着地中海西海岸，每年都从海港勒索贡金，并派遣船只外出劫掠。汪达尔人在435年洗劫了罗马，在历史上声名狼藉。最后东罗马帝国的查士丁尼大帝发起大军进攻汪达尔人。当时——和全部历史上——最善战的将军贝里萨留斯带领帝国军队登陆迦太基，一举歼灭了汪达尔人。有些被击溃的汪达尔人可能最终隐匿乡间融入当地人口。正如爱德华·吉本写道：“当所有手段，无论武力或诡计，都已穷尽，斯托札带着一些绝望的汪达尔人退隐到毛里塔利亚的荒野，迎娶了一位蛮族亲王的女儿，假报自己的死讯以躲避敌人的搜捕。”^[17]

为了把几千份新OCA2等位基因引进摩洛哥的里夫山脉，汪达尔人也是蛮拼的。

然后海盗来了。从1500年到1800年间，穆斯林海盗俘获和奴役了大量欧洲人，粗略估计超过了100万之众。他们一般从意大利和西班牙沿岸抓走奴隶，但有时也会到更远的康沃尔、爱尔兰甚至冰岛。多数男性奴隶都做苦工至死，并没有多少机会对基因库做出贡献，但女奴有可能，事实上是经常被关进后宫。在阿拉伯人从撒哈拉以南非洲掳去的奴隶身上也有相似的现象：根据线粒体DNA提供的信息，中东地区阿拉伯人的母系血统有大概5%的非洲成分，而他们几乎没有任何的非洲Y染色体。我们的意思并非说柏柏尔人有许多欧洲祖先：Y染色体和线粒体DNA数据都不支持这一说法。关键在于即使是轻微的混合也足以引进许多有益等位基因的拷贝，经过一段时间之后该等位基因就会变得普遍。引进时间越早，引进的拷贝越多，这一过程就越有效。如果必须猜测，我们会猜柏柏尔人中间OCA2的蓝眼变异是由汪达尔人带来的，但也可能发生在更久之前，牵涉我们并不知道的人口流动。

^[1]Stephen L.Zegura et al.,“High-Resolution SNPs and Microsatellite Haplotypes Point to a Single,Recent Entry of Native AmericanY Chromosomes into the Americas,”*Molecular Biology and Evolution* 21,no.1(2004):164—175.

[2] Martin Richards, "The Neolithic Invasion of Europe," *Annual Review of Anthropology* 32,no.1(2003):135—162; Isabelle Dupanloup et al., "Estimating the Impact of Prehistoric Admixture on the Genome of Europeans," *Molecular Biology and Evolution* 21,no.7(2004):1361—1372.

[3] Veronica L.Martinez-Marignac et al., "Admixture in Mexico City: Implications for Admixture Mapping of Type 2 Diabetes Genetic Risk Factors," *Human Genetics* 120,no.6(2007):807—819.

[4] Valter Gualandri et al., "A1Milano Apoprotein Identification of the Complete Kindred and Evidence of a Dominant Genetic Transmission," *American Journal of Human Genetics* 37,no.6(1985):1083.

[5] Cesare R.Sirtori et al., "Cardiovascular Status of Carriers of the Apolipoprotein A-1Milano Mutant," *Circulation* 103,no.15(2001):1949—1954.

[6] John K.Bielicki et al., "High Density Lipoprotein Particle Size Restriction in Apolipoprotein A-1(Milano) Transgenic Mice," *Journal of Lipid Research* 38,no.11(1997):2314—2321.

[7] Alan G.Fix, *Migration and Colonization in Human Microevolution* (New York: Cambridge University Press, 1999).

[8] Georgi Hudjashov et al., "Revealing the Prehistoric Settlement of Australia by Y-Chromosome and mtDNA Analysis," *Proceedings of the National Academy of Sciences* 104,no.21(2007):8726.

[9] Jared Diamond, *The Third Chimpanzee: The Evolution and Future of the Human Animal* (New York: HarperCollins, 1992), 207.

[10] Robert Sallares et al., "The Spread of Malaria to Southern Europe in Antiquity: New Approaches to Old Problems," *Medical History* 48,no.3(2004):311—328.

[11] Alessandro Achilli et al., "Mitochondrial DNA Variation of Modern Tuscans Supports the Near Eastern Origin of Etruscans," *American Journal of Human Genetics* 80,no.4(2007):759—768.

[12] Marco Pellecchia et al., "The Mystery of Etruscan Origins: Novel Clues from Bos Taurus Mitochondrial DNA," *Proceedings of the Royal Society B: Biological Science* 274,no.1614(2007):1175—1179.

[13] Sadaf Firasat et al., "Y-chromosomal Evidence for a Limited Greek Contribution to the Pathan Population of Pakistan," *European Journal of Human Genetics* 15,no.1(2007):121—126.

[14] Tatiana Zerjal et al., "The Genetic Legacy of the Mongols," *American Journal of Human Genetics* 72,no.3(2003):717—721.

[15] Dio Cassius, *Roman History*, vol.9, Books 71–80, translated by Earnest Cary and Herbert B.Foster, Loeb Classical Library, no.177 (Cambridge: Harvard University Press, 1927).

[16] Hans Eiberg et al., "Blue Eye Color in Humans May Be Caused by a Perfectly Associated Founder Mutation in a Regulatory Element Located within the HERC2 Gene Inhibiting OCA2 Expression," *Human Genetics* 123,no.2(2008):177—187.

[\[17\]](#)Edward Gibbon,*A History of the Decline and Fall of the Roman Empire*,vol.3(Philadelphia:B.F.French,1830),95.

第六章 扩张

人类历史上，以牺牲邻近族群为代价的扩张比比皆是。解剖学意义上的现代人扩张并取代了远古人类，班图人的扩张是以布须曼人和其他族群的损失为代价的，而突厥人和蒙古人则将曾经占据中亚大草原的伊朗语系族群赶走了。在许多这类例子里，不同人群间相互融合在一定程度上存在，但扩张的主要结果还是新来者彻底取代原住民。我们在这里还可以举出很多例子。当然了，最突出的问题是：为什么就那些人群扩张了呢？

在某些情形里，起关键作用的可能是纯粹的运气——也许某场关键战役的失败就因为一枚马掌钉。但更多的时候，成功的人群有某种支撑他们扩张的优势。解剖学意义上的现代人当时可能掌握了诸如投射性武器之类的先进技术，同时学会了更加复杂的语言。班图人不光掌握了如何使用铁器，而且学会了种植一系列适应非洲当地环境的作物。因为这些技术，他们在遭遇狩猎兼采集者的时候就有了强大的优势。突厥化的蒙古人相对于中亚大草原上伊朗语系族群的优势目前还不太清楚，但他们可能有更强大的政治体制。

大家普遍认为这个决定性的优势是文化上的——也就是说，后天习得的。武器、策略、政治组织形式、农业技术：统统都是习得的。现代人的那一次扩张是一次例外——多数研究者猜测他们的竞争优势根源于生物学上（遗传学上）的变化。生物学优势是特别强大的，因为它们很持久：尼安德特人等古人类也许有能力模仿现代人的某些文化特征（可见于夏特佩里昂石器文化），但他们无法变成现代人，也无法模仿或获得现代人因其生物学特征而得来的能力。因此，作为解剖学意义上的现代人本身就是一个持久性的优势；由此遗传学可以解释持续了大约两万

年的人群替换过程（从现代人最开始走出非洲，直到尼安德特人的末日）。

“晚近几次扩张都由文化因素主导”这一设定建立在这样一种假设之上，即世界各地的现代人都拥有本质上相同的能力。这是根据“人类演化达到静态”这一论断反推得到的结果：如果现代人在扩张并走出非洲之后没有经历显著的生物学变化，那么各地的现代人都有等量的潜力，没有任何一群现代人相对于他们的邻近群体拥有生物学上的优势。然而，正如我们不厌其烦地指出，在这段时期内人类的确发生了显著的生物学变化，而且改变相当之大，特别是那些已经长时间从事农业的人类群体。因此，人类种族和部落之间在生物学意义上的平等绝非如此想当然。实际上，这种平等性存在的概率相当低，低到好比你将一把硬币撒到地上，落地时每一枚硬币都是边缘着地。不同人群生物学意义上的不平等是有一些重要而且被良好记录的例子的：一些人类群体（平均来说）比另一些能更有效地应付某些特定情形。

因农业出现而产生的自然选择清扫中，能够留存下来的新等位基因是随机产生的。因此，单纯从概率上来说，它们在一些群体里出现的频率就可能高于另一些群体。我们知道，它们最早变得普遍的地方就是它们最开始被选择的地方——新出现的农业生态系统，有些人经历得早，有些人经历得晚。因此，较早开始从事农耕的人群，其新的有利基因就更早被选择。通过这样的方式，这些有利的等位基因得到繁衍。与农民在生活里有交集的人群，比起那些生活相对隔绝的人群，能发生更多的基因交流。

较早从事农耕的人应该比后来者更能掌握农业技术：他们应该能更好地适应新的饮食，更好地抵御新的疾病，更能忍受群落的拥挤和等级制。

那些新的优势都可以增加个体的适应性，但是它们在部落和群体层面的效果却说不准。一些优势能够帮助个体生存，但未必对群体有影

响。例如，假设一个变异能使个体对某种传染病免疫，但如果影响整个群体人口大小的主要因素是食物储量的话，那么这个变异在群体层面就不会产生什么影响。反之，如果另一个变异能让其携带者更有效地消化一种新食物，那么它就可能大大地增加这个群体的人口数量。如果一个变异只是单纯地改变群体内部谁是赢家，但却没有给群体带来新的资源或能力，它也许不会对群体有帮助，反而可能有害。

如果一个群体里恰好获得一个（或一些）能同时增加群体和个体适应性的变异，那么相对于邻近人群它就有真正的生物学优势了。它的人口会扩张。部落之间相互冲突是必然的，它们经常这样。战争在文明之初就存在了。^[1]而那些具有生物学优势的群体，理应在大多数情况下是获胜的一方。它们比邻近人群更有能力培育年轻的战士。它们能负担得起更频繁的战事，也能更快地从失利中恢复过来。如果扩张的群体是因为更先进的策略或者武器而成功的，这成功就可以被他们的对手复制，但基因却是不能通过模仿得到的。所以生物学优势难以抵抗，而基于生物学优势的扩张持续的时间远远长于那些基于短暂文化优势的扩张。

哥伦布的扩张

欧洲人在美洲的扩张过程中，欧亚和非洲的传染病扮演了关键角色，这都曾被记录下来。然而在扩张的过程中，不同人群的生物学差异为其中一方在特定情形中带来的实际优势，却被大多数书写者避而不谈。即便如此，仍有大量证据表明这些生物学差异确实存在。当欧洲人最初航行驶入“新世界”的时候，他们的疾病也随之而来。而美洲印第安人缺乏生物学上的抵抗力，完全无法经受住这些疾病的攻击。

美洲印第安人在大约15000年前从亚洲东北部迁徙而来。他们既没有得过那些在农业诞生之后在密集群居环境之中传播的疾病，也没有在体内产生抵抗那些疾病的基因防线。因为他们迁入新世界的路线经过西伯利亚和阿拉斯加这样的严寒之地，那些需要媒介传染的或者具有复杂生命周期的古老传染病——例如疟疾和几内亚线虫病——就此被他们抛在身后。而他们进入的这个世界，从来就没有人科物种或者大猿生活过。所以，那里能感染人类的本土病原体非常少。很多在旧大陆里发现的传染病被认为起源于被驯化的动物，但驯化动物看起来并没有在当时的美洲成为人们生活的重要成员。

诚然，美洲印第安人确实独立兴起了本土农业，而且是非常有效的农业——其中更包括一些世界上最重要的作物，例如玉米和土豆，可是，他们只驯化了很少的动物，很大程度上是因为他们已经把大部分可被驯化的动物消灭掉了。每次现代人类进入一片没有人迹的新大陆时，这样的大灭绝都会发生，因为人类本身是能干的捕猎者，而新大陆里的大型动物却来不及适应人类的存在。这在澳大利亚、新西兰、马达加斯加以及新大陆里都发生过。

因此，对于美洲印第安人来说，青睐疾病抵御机制的自然选择力就

弱于生活在旧大陆的居民，甚至比数百万年来我们任何祖先所经受过的相应自然选择力都要弱。

美洲印第安人所经历的较弱的疾病压力体现在他们不同寻常的人类白细胞抗原（HLA）等位基因分布上。HLA系统是一组编码在细胞表面表达的蛋白的基因。免疫系统用它们来识别一个细胞是否来自自身，因此它们在器官移植的排斥反应里扮演了重要的角色。但是它们最重要的功能是对抗传染病。它们能辨识存在的病原体如细菌的蛋白质碎片，从而引起免疫系统的警觉，后者继而对病原体展开进攻。此外，当一个病毒感染了细胞，HLA分子会让分布在细胞表层的病毒蛋白无所遁形，导致这些被感染的细胞也被免疫系统消灭。

HLA基因是所有基因里面最多变的。每一个HLA基因的主要版本都有10种或以上，最多的可达100多种。正是因为这些基因如此多变，任何两个人（除了同卵双胞胎）体内的HLA系统几乎不可能相同。因为这些等位基因是共显性的，有不同的HLA等位基因就会扩大免疫系统能够识别和抵抗的病原体的数目。HLA基因的多样性因而得到了选择，有些等位基因尽管罕见，但仍然被保留了很长时间。事实上，有些足有3000万年的历史，比智人这个物种还要古老得多。也就是说，对于人类体内某些位点上的一些HLA等位基因，人人与人之间的差异之大，甚至比人和一只红毛猩猩的等位基因的差异还要大。因为传染性疾病引发选择压力，所以自然选择对HLA多样性的选择偏好持续了千百万年。正因如此，在旧大陆里哪怕是一个非常小的人群也保留了高度的HLA多样性。

但美洲印第安人却没有这种多样性。许多部落里一个HLA等位基因在群体里出现的频率能超过50%。^[2]不同的部落有不同的等位基因占据主流。似乎在新大陆里，HLA等位基因的分布是受随机的基因漂移支配的。这种现象在旧大陆里，自中新世就不再发生了。对全球HLA多样性的一个仔细的分析对此做了确认：在大多数人群里HLA的多样性是受到自然选择的，可是在美洲印第安人身上却找不到任何HLA多样性被选择

的证据。[\[3\]](#)

如果传染性疾病对美洲印第安人来说并不重要，自然选择也许更倾向较弱的免疫系统，因为这样的人更容易避免自体免疫疾病——免疫系统误伤自身器官或组织的疾病。一些广为人知的自体免疫疾病在美洲印第安人那里较为罕见，例如1型糖尿病（源于自身免疫系统攻击分泌胰岛素的胰腺细胞）和多发性硬化（免疫系统攻击中枢神经的髓鞘质层）。一个活力较低的免疫系统在上述这些情况下就会变得有优势了。

因此，我们有足够的理由认为，在免疫系统的演化上美洲大陆的居民并不仅仅是落后于旧大陆的居民。当后者因为曾经历的传染性疾病经历了强烈的自然选择，其抗病能力因此增强；前者的抗病能力却反过来变得更脆弱。美洲印第安人适应了美洲的环境，却无法适应即将和旧大陆群体发生的碰撞。

不同的自然选择压力产生了一定的生物学差异，这些差异在哥伦布将新旧大陆的联系变得频繁的时候导致了巨大的后果。欧亚的传染性疾病，例如天花、百日咳、麻风病和腺鼠疫在短时间内流入了美洲。在美洲的热带和亚热带地区，还有大多是从非洲传入的黄热病、登革热、疟疾、淋巴丝虫病、血吸虫病和河盲症。反过来，从美洲传入旧大陆的人类病原体却较少。梅毒[\[4\]](#)和潜蚤病（一种挖入皮肤的蚤）是已知的仅有两种，但也许还有其他例子未经发现——比如说，一些流行病学家怀疑类风湿性关节炎来自一种未知的新大陆病原体。

突然间毫无准备地被暴露在数不胜数的新传染病之下，美洲印第安人遭受了毁灭性的打击。根据估算，美洲原住民的数目在几个世纪里下降了超过90%，这几乎完全因为传染病。[\[5\]](#)

美洲印第安人脆弱的免疫系统是欧洲人在美洲顺风顺水的主要原因。流行病，特别是天花，干扰了美洲印第安人的武装抵抗，从而在最

初西班牙人的占领时期起到了重要作用。在当时的墨西哥，埃尔南·科尔特斯（Hernán Cortés）和他的军队让阿兹特克的皇帝成了他们的傀儡。阿兹特克人奋起反抗，在著名的“悲痛之夜”（La Noche Triste）杀死了蒙特祖马二世（Moctezuma II，即当时的阿兹特克皇帝）和2/3的西班牙军力。要不是因为当时天花瘟疫横行，阿兹特克人也许能彻底摧毁入侵者。阿兹特克反抗武装的领袖在这场瘟疫里丧命，而科尔特斯和他的人马征服了阿兹特克帝国。

若非那些微生物盟友，很难想象科尔特斯能够取得最终的胜利，因为他试图用几百人的军队征服一个数百万人的帝国。何况，即便在阿兹特克陷落之后，大多数的印第安政权，例如玛雅城邦仍然完好，要不是因为后来连续的天花瘟疫的话，西班牙人很可能对战局失去控制。弗朗西斯科·皮萨罗（Francisco Pizarro）对印加帝国的征服同样得到了天花瘟疫的帮助。君主和他的继承人在瘟疫里死去，一场对继承权的内部斗争适时而来。考虑到皮萨罗也是仅用168名士兵侵略一个数百万人口的帝国，他确实需要所有他能得到的帮助。

美洲印第安人脆弱的抗病能力一次又一次地改写了历史。西班牙对西部印第安人殖民的第一次尝试险些因此搁浅，因为泰诺族和其他阿拉瓦克族群（Taino and Arawak peoples）的死亡速度是如此之快（他们在1530年时已经近乎绝迹了），以至于西班牙人没有可供支配的劳动力。那些加勒比海岛上的居民比生活在大陆的美洲印第安人更与世隔绝，在新的传染病面前也更脆弱。

清教徒（Pilgrims）的第一个定居点是在一片3年前刚刚被印第安部落清理出来的土地上，而这个部落则被某种瘟疫（可能是天花）摧毁了。史广多（Squanto），一位教会清教徒生存技巧的印第安人，似乎是那个部落仅存的生还者。后来新英格兰的清教徒定居点也是因为美洲印第安人遭受了毁灭性的瘟疫而得以扩张。而詹姆斯镇（Jamestown）的安全则是在瘟疫削弱了当地部落的实力之后才得以保障的。

美洲印第安人在高原地带生存得最好，在那里他们能躲避大部分来自非洲的新疾病。^[6]实际上，在南美洲海拔超过11000英尺（约3353米）的阿尔蒂普拉诺高原（Altiplano），当地的美洲印第安人有比西班牙人更适应稀薄空气的生理优势。

当然，欧洲人是具有多重优势的。他们有更先进的武器和策略，这些都是经过数千年有组织的冲突得来的。他们打仗的方式更讲究实际，更少仪式化的东西，至少和阿兹特克人对比来说是这样。阿兹特克和相邻的城邦如特拉斯卡拉（Tlaxcala）开展的是“花朵战争”——这些战争的目的是捕获用于祭典的俘虏，而非获取决定性的结果。欧洲人有多种多样的驯化动物作为食物来源，作为原材料，例如羊毛和皮革，以及作为交通工具。他们有先进的冶炼术（炼铁和炼钢），以及巨大的帆船。他们是数千年文字文明的继承人。尽管有例外（比如从未学习过读写的皮萨罗），许多早期的探险者和定居者（比方说，那些清教徒）都是有丰富学识和接受过良好教育的人。

1492年最复杂的美洲印第安文明大概和3000年到4000年之前的中东地区文明相仿——欧洲人可以说是来自未来的侵略者。

欧洲人的抗病优势尤其重要，因为那些征服和殖民的早期尝试都是以微弱势力战胜大多数的行动。跨大西洋运送人和装备对后勤能力是巨大的挑战。欧洲军队对新大陆的远征规模很小并补给匮乏。征服者们取得的成功，使人联想到夸张的动作电影里一个人独力打败一小支军队——更何况这可是用火绳钩枪而非乌兹冲锋枪。早期殖民的尝试常常在灾难性的失败边缘，比如当半数清教徒在他们的第一个冬天里死去，詹姆斯镇大部分的定居者因1609年的寒冬而饿死。

流行性疾病使早期的征服顺利进行：它们使美洲印第安人的数目减少，并使后来的武装反抗变得羸弱。如果他们不是因为疾病死去，美洲印第安人在第二、第三轮战斗里会有足够的时间学习和使用许多欧洲的

军事发明。

我们对抗疟疾的遗传学基础了解比较多，但对欧洲人抵御天花等疾病的抵抗力则知之甚少，虽然研究结果已经呈现出些微的迹象。正如我们之前所说，有足够的证据指向自然选择对许多涉及抗病能力的基因在近期是有选择的。但在大多数情况下，我们都不知道其生物化学的细节——例如，哪个被选择的等位基因负责抵抗哪个特定的具有感染性的有机体。我们怀疑HIV-1辅助受体趋化因子受体5（CCR5）的突变体delta CCR5，一个常见于北欧人的变异，对天花有抵御作用。但鉴于研究天花是一份危险的工作，而且天花现仅存在两个基因库里，我们很难确定。^[7]一些隐性的遗传病在欧洲和中东常见，但它们可能也带来了一些对传染病的抵抗能力。这包括了囊肿性纤维化、甲抗胰蛋白酶缺乏症、家族性地中海热、连接蛋白26耳聋以及血色沉着病。所有这些隐性遗传病在晚近的基因融合之前，在美洲印第安人身上都是没有的。

还有另外一种方法或许能帮助我们探测其中一些帮助欧洲人抵御摧毁了美洲印第安人的那些传染病的等位基因：通婚研究。拉丁美洲许多居民身上都同时有欧洲人的和美洲印第安人的血统，还有少数人有来自非洲的祖先的血统。在自然选择缺失的情形下，预计出现的情形是：基因混合时每个基因都有均等的机会，如果四成的血统是欧洲血统，那么每个基因所有副本中的四成就会是欧洲的。但就像我们在第二章中指出的那样，如果某个基因的一个特定等位基因使得遗传适应性增加的话，情形就会有所不同。比方说，如果某个基因的欧洲等位基因能有效抵御天花，那么标准的墨西哥当地居民在那个位点上就比平均水平要更加欧洲化，即便通婚人口的存在不过500年之久。换句话说，那个基因的欧洲化版本可能会适应性渗入。一些美洲印第安等位基因和一些非洲等位基因或许也有自身优势，但考虑到能供给适应性渗入的时间还相当短（顶多二十代人的时间），而天花又有全面的毁灭性力量，所以最有可能是可探测到的适应性渗透看起来就会是一种欧洲的天花抵御机制。有证据证明在至少一个墨西哥美洲人群中，基因组出现了异常的欧洲厚

片。^[8] 不可思议的是，同样的原理也适用于尼安德特人和15至17世纪的西班牙征服者们。

我们的确也知道一些关于美洲印第安人和其他人群的免疫学差异。我们知道雅诺马马人（Yanomamo，一个已经被研究得相当充分的美洲印第安人群，住在委内瑞拉的荒野）往往产生很高水平的抗结核抗原，而不是像欧洲人一样出现更有效的细胞介导反应。虽然结核病在雅诺马马人之中很常见，却只有很少的个体在结核菌素测试中结果呈阳性。这一点很重要，因为绝大部分受结核病影响的旧大陆居民会产生有效的免疫反应（于是在结核菌素测试中结果呈阳性）并避免出现症状。只有极少数会真的发展成有活力的疾病。雅诺马马人也有数量极大的免疫球蛋白E（参与抵御寄生虫的分子），比受到同等程度感染的欧洲人身上的免疫球蛋白数量要高许多。哥伦布之前的美洲印第安人曾易受寄生虫感染，但因细菌和病毒感染患病则相对少，有可能是自然选择调整了他们的免疫系统，使其能有效面对这一类疾病的威胁。

我们对不同人群之间遗传差异造成的实际后果的了解要比对其生物化学细节的了解更多；部分是因为传染性疾病对欧洲和美洲印第安人群相关影响的历史记录，同时也因为在符合科学规律的医学时代（也就是过去100年间）对流行病的完善记录。

即便到了20世纪，美洲印第安人和欧洲人后代的最初接触也在最早的5年之内杀死了1/3到1/2的原住民，只有可利用高水平医疗条件的人群得以幸免。^[9] 这可是在那些最糟糕的欧亚疾病（天花、腺鼠疫和斑疹伤寒）对一般社会已经不再是重大威胁的时代。比方说，欧洲人在1980年的巴西接触到的800名苏鲁族人（Surui）里面，截止至1986年已经有600人死亡，大部分因为肺结核。

从历史记录可以判断，天花导致的美洲印第安人死亡率比欧洲人的死亡率要高得多。大约有三成感染了天花的欧洲人死去，然而感染天花

的美洲印第安人死亡率有时候高达九成。比方说，在1827年的一次流行病事件中，1600名曼丹族人〔Mandan Indians，也就是后来的北达科他族人（North Dakota）〕中只有125名存活下来。

一些历史学家认为由病毒引发的流行病对没有经历过流行病的人群尤为凶险，因为它杀死的是成人而不是儿童。而一个人群需要许多资源的投入去培养一个成年个体，成年人是难以取代的，因为他们从事绝大部分的生产和产出绝大部分的食物，这一点很重要。一个人群如果经历一场杀死其二成人口的疾病，那么如果那二成人口是儿童，会比那二成人口是青壮年使得这个人群更容易整体存活下来。这一效应使得新大陆上第一波流行病所产生的影响加剧了。出于同样的原因，如果一场流行病让每一个个体都变得羸弱，那么很可能就没有足够的看护者去保障那些有可能存活下来的人吃饱穿暖。然而，历史学家所说的这一效应难以解释为何传染性疾病在新大陆上流行了几百年后仍然对美洲印第安人的危害大于对欧洲人的危害。

虽然各种因素（诸如缺乏驯养动物）使得美洲印第安人群间流行起真正凶险的本土传染病的可能性不大，但仍然是有可能发生的。理论上说，他们可能有本土版本的天花和疟疾。但如果这类凶险的传染病被欧洲探险家们带回旧大陆的话，文明大概早已坍塌，各位现在也不会在读这本书了。有些观点认为缺乏文化经验恶化了传染病的影响，比方说受感染的印第安人逃离疫病中心（使得疾病进一步蔓延），或者他们会尝试各种无效的治疗。但是欧洲人也会干出逃离疫病中心这种事情（就像薄伽丘《十日谈》里写的那样），而且当时欧洲的医学和治疗基本上也没什么用〔17世纪时查理二世的医生们治疗他的痉挛用的是放血、拔火罐、催吐剂、泻药、灌肠剂、疱疹膏药、斑蝥，继而放更多血，把他的脚底贴满焦油和鸽子粪，再给他一块羊黄（山羊胃里的结石，被认为可以解任何毒药），继而再放更多的血。没有一样是有用的〕。[\[10\]](#)

但难道不是西班牙人对美洲印第安人的压迫才是他们人口减少的主

因吗？我们认为不是。当然，西班牙人的确压迫了美洲印第安人，但他们是打算在这些新征服的土地上当主子的，可没想要自己去从事农牧。主子需要农奴，活着的奴隶。西班牙人对劳力和食物的需要必然使得情况更加恶化，但人口剧减的速度远远超过了西班牙人管理控制的能力。比方说，埃尔南多·德·索托在1539年探索当今的美国南部的时候，他发现了许多大小适宜的镇子，但它们都是那段时期里居民弃居后留下的空荡鬼城。大陆疾病（可能是天花）比他更早抵达，就好像天花比皮萨罗更早抵达秘鲁一样。

此外，当西班牙人在16世纪时开始征服菲律宾时，没有任何迹象表明他们在那儿引起过任何人口数量崩盘。^[11]每当欧洲人与长期隔绝的人群（美洲印第安人、澳大利亚原住民和波利尼西亚人）接触时，被征服地就会出现原住民人口数量剧减。当欧洲人征服的是已经与旧大陆其他人群广泛接触的人群时，就不会出现人口数量崩盘。正如查尔斯·达尔文所说：“欧洲人无论踏上哪片土地，死亡都会追上那儿的原住民。我们可以去看大量的美洲人群、好望角和澳大利亚的人群，我们会看到相同的结果。”^[12]

那些拒绝承认欧洲征服和定居美洲过程中生物学差异的人，事实上也是在否认达尔文进化论。欧亚从事农业的人群经历了数千年的疾病高发，自然选择必然会选择拥有更高的疾病抵御能力。这完全不是什么非同寻常的理论或异端邪说，但就是有许多宣称承认自然选择学说的人拒绝承认这一显而易见的推演，尤其当这一理论被用于解释人类现象的时候。

诚然，就如威灵顿公爵所说的，双方都可以参与竞争。但当欧洲人尝试去征服和定居撒哈拉以南的非洲地区时，很明显优势是反而往欧洲人那边倾倒的。

黑暗之心

欧洲人很早就留意到撒哈拉沙漠南面的地域，但在15世纪时他们对这片土地还知之甚少。他们确切知道的知识大部分都是古典文明的遗赠。迦太基航海家汉诺（Hanno the Navigator）曾探索过非洲的西海岸，而希罗多德告诉我们还有更早的腓尼基探险活动，由古埃及法老尼科二世（Pharaoh Necho）在约公元前600年完成，看起来他曾绕非洲大陆航行。无论如何，古希腊人获得了关于非洲中部的一些知识，包括关于俾格米人（the Pygmies）的知识。亚里士多德说：“这些不同寻常的人从斯基泰草原迁徙到埃及南部的沼泽地，而那儿正是尼罗河的源头。顺带一说，也是在那里他们与俾格米人发生冲突；这故事听起来不怎么样，但那儿的确有矮小的人类族群存在。”^[13]另外一个有趣的线索是波斯波利斯（波斯帝国首府）的一根有2500年历史的雕刻石柱，上面雕着各地人们从许多地方带来贡品。其中一面刻着一个俾格米人带着一只獾狍——长颈鹿的近亲物种，住在森林深处，欧洲人直到1901年才重新发现它们。

撒哈拉沙漠以南的非洲事实上在古典时期比在现代要更容易抵达和探索。那时撒哈拉一带还不是如今这般的干燥：直到罗马时期马群还可以跨越那片荒漠，还有一些当时的穿越者打的古老的浅井存在，而如今水位却在地表几千英尺以下。而且有可能（当然这纯粹是推测）恶性疟疾在古典时代的非洲并不似如今那样蔓延深广。如果推测属实，那么当时的非洲探险要比现在安全多了。

当现代欧洲人（最早的是葡萄牙人）在大约1500年时开始出现在西非海岸时，他们找到了财富（金子和奴隶），但同时也面对着难以置信的疾病威胁。1500年葡萄牙国王派一支8人的探险队赴冈比亚河（the

Gambia River），只有1人得以生还。16世纪葡萄牙历史学家若昂·德·巴罗斯（João de Barros）写道：“然而看起来似乎是因为我们的罪孽，或因为上帝某种高深莫测的判断，在我们远航所至的大埃塞俄比亚的所有入口，他都安放了一位夺目的天使，带着死亡高温的烈焰之剑，在我们挺进流向大海的黄金之河时阻挡我们进入这座花园的内部觅得那些泉源。”^[14]欧洲人典型的做法是在沿海的陆地或靠海的小岛上购买奴隶：深入内陆去抓获他们则对欧洲人的健康来说风险太大。阿拉伯奴隶所在地更遥远，但许多阿拉伯人有遗传学上的疟疾抵御机制比如α型地中海贫血，他们中的许多人身上有非洲血统。

这类困难存在了许多世纪。驻扎在黄金海岸（Gold Coast）的英国士兵们一年就损失一半人口。早期探险家们的情形也同样糟糕。蒙戈·帕克（Mungo Park）在1805年带领45个欧洲人进行第二次非洲探险的时候，抵达尼日尔河（the Niger）时就只剩11人活着。他最终在布萨险滩（Bussa rapids）遇难，是被非洲人杀死的，不是寄生虫，但当他的儿子托马斯去找他的时候，还没走多远就死于疾病引发的高热了。我想你们都听说过利文斯通医生——戴维·利文斯通医生，19世纪英国勘探非洲中部的传教士医生。他的妻子在旅途中死于疟疾，随后他妻子的医生也死于疟疾和痢疾。19世纪的英国探险家约翰·斯皮克（John Speke）和理查德·弗朗西斯·伯顿爵士（Sir Richard Francis Burton）探索并最终找到了尼罗河的源头，但他们双双患上了热带疾病。斯皮克因为一只甲虫爬进眼睛而惨遭剜眼之痛，随即经历了阶段性失聪和阶段性失明。想想看这些还是著名的探险者，是那些获得了一定程度成功的人。那些倒霉的人都遭受了什么呢？

欧洲人对于大部分撒哈拉沙漠以南的非洲居民来说有巨大的技术优势。在许多方面（运用铁器的技术除外），非洲人的技术的社会组织形式都比美洲印第安人要简单。（这里我们说的是那些没有受到多少伊斯兰文明影响的“隔绝地区”，特别是西非、中非和南非。）读写能力、带轮交通工具、航船和枪支都曾给予欧洲人巨大的军事优势，但数百年时

间内这些优势却没有带来任何成果，除了荷兰人在南非远端一个气候温和的地方建起了殖民地。

19世纪时奎宁的使用变得普遍，欧洲人在非洲内部的探险便开始取得一定进展，因为在非洲的所有疾病之中恶性疟疾对于欧洲人来说曾经是最为致命的。随后科研进展渐渐控制了或消除了许多其他的非洲本土疾病，包括黄热病和昏睡病，这使得“瓜分非洲”（scramble for Africa）的局面最终产生——众多欧洲国家，从大不列颠到意大利，最终征服了整个非洲大陆。在这些征服行动中，欧洲的军事技术是一张王牌。就如英国诗人希莱尔·贝洛克（Hilaire Belloc）在诗中所写：“无论发生了什么，那是我们早已得到的，马克沁机枪（Maxim gun），这玩意儿他们可没有。”

然而非洲却没有成为另一个美洲：非洲人并没有被欧洲人所取代。要让数量有限的殖民者成为主要人群，本地人必须死掉大部分，但非洲人没有。强大的热带疾病和本土的生物学抵御机制（也是付出了巨大代价演化而成的）使得非洲大陆留在了非洲人手中。而在哥伦布远航的例子中，晚近人类演化起了巨大的作用，决定了谁是赢家。

牛仔们

在我们上面讨论的两个例子中，遗传学层面的优势（欧洲人在美洲和非洲人在非洲）都是巨大的，那些对传染病缺乏必要抵御机制的个体几乎都死光了。虽然没有理由说疾病抵御机制上的差异是欧洲人和美洲印第安人之间唯一的生物学差异，或说是欧洲人的唯一优势，但那肯定是最重要的影响因素。欧洲殖民进程肯定不可能在缺乏决定性优势的情况下进行得如此之快。而非洲人肯定也需要巨大的生物学层面的优势才能抵挡住欧洲人，考虑到在技术和社会组织形式上他们都落后太多。虽然我们对此还不能确定，但看起来解剖学意义上的现代人也会需要一个相对很大的优势才能在新石器时代取代尼安德特人，考虑到与他们竞争的远古人类肯定比他们要更能适应欧亚大陆的气候。

同时，肯定也有这样一些情形，即较小的生物学优势也足够使一个人群得以扩张，尤其当扩张不包括跨越大洋的旅途的时候。再次声明，我们并不认为全部的人类扩张都有这类生物学原因，但其中的一些有可能有，而生物学优势的耐受性特征使得它尤其利于那些特别长久和跨广袤地域的人类扩张。

在所有已知人类扩张中最大规模的一次，即印欧人的扩张，就很有可能是受乳糖耐受的遗传变异驱动。乳糖耐受的等位基因是欧洲人身上受自然选择影响最强的一种等位基因之一。

“印欧语系”指的是一组子语言相互关联的语族，其语言使用者的分布跨越了印欧大陆西部、美洲大陆和澳大利亚大陆。它同时也是世界诸语族中最大的一个，其本土语言使用者高达30亿人，是世界人口的一半。印欧语系诸语言中使用群体最大的是西班牙语、英语、印地语、葡萄牙语、孟加拉语、俄语、德语、马拉地语和法语。

这些语言的基本词汇在许多归类系统中都可识别为近似的。而在每一种语言中，许多从一到十的数词、身体部分的词语（头、心和足）、植物和动物类的词语（橡树、狼、熊）、自然现象类的词语（空气、雪、月）和近亲类的词语（父亲、母亲、女儿）都可追溯到共同的一种古老语言。比方说，“三”（three）在希腊语中是treis，在拉丁语中是tres，在德语中是drei，在俄语中是tri，在孟加拉语中是tri，在中亚一种已经灭绝的语言吐火罗语东部方言中是tre。

这些语言最初被归为一个语系是因为许多在印度的欧洲人注意到了印度诸语言与欧洲诸语言之间的相似，特别是它们与拉丁语和希腊语之间的相似。进而印度诸语言被认为与欧洲大部分地区的语言有共同的起源，因为罗曼语族的诸语言（西班牙语、葡萄牙语、法语、意大利语和罗马尼亚语）源自拉丁语在当时是共识。这些早期的观察大部分都没有被跟进，直到威廉·琼斯爵士（Sir William Jones，一位著名英国学者和印度的首席法官）在1786年一次关于印度文化的讲座上提到这一点之后，学者们才开始认真看待这一说法。在随后的两个多世纪中，许多学者研究过印欧语，这是迄今为止历史语言学最成功的理论。

许多不同族群和种族的人说同一语系的语言（印欧语），这里面可没有任何遗传学的东西。中国飞行员跟日本航空控制员说英语，就是这个道理。然而却有理由相信印欧语系全体语言共同的源语言曾经被一个特定的人群在特定的区域内使用。他们相对来说人口数量较少，而相比起现今印欧语系语言使用者所分布的广大地域来说，他们当时分布的地域很小。而且在那时印欧大陆也有许多别的本土语言的使用人群，然而这一语族的使用者扩张了，而其他语言使用者的群体却没有。或许他们身上有一些异乎寻常的地方。

原始印欧人

我们对原始印欧人的了解，包括我们对这个人群的指称，大多数来自比较语言学辅以考古学的成果。^[15]我们了解到他们曾放牧和耕种，或许依靠牧养多于农耕。他们饲养牛和绵羊，也养山羊和猪。牛在日常生活中也在宗教中起着极其重要的作用，他们也驯养了野马，事实上他们可能是最早这样做的人群。

原始印欧人知道铜，或许也知道青铜，但还不知道铁。他们使用银，也可能曾使用金。他们有带轮子的交通工具，大概是牛拉的车。他们编织羊毛织物，制作并饮用蜂蜜酒。他们的社会是父系继承制。他们十分好战，常常劫掠畜群并有报复行动。他们大概有一种全体成员平等的由单身男性组成的战士兄弟会，入会仪式很困难。这些战士都是战斗中狂暴的武士，有可能以狼为图腾，也常常不太听更年长、更有智慧的首领的话。

原始印欧社会中有三个阶层：多神宗教祭祀的祭司阶层、武士阶层和从事放牧及耕种工作的生产者阶层。这种社会分层形式出现在许多印欧人分布的广大地区：古代印度有婆罗门（*brahmanas*）、刹帝利（*ksatriyas*）和吠舍（*vaishyas*），古罗马也有祭司（*flamines*）、战士（*milites*）和农民（*quirites*）。法国语言学家乔治·杜梅泽尔（George Dumézil）和其他学者主张这一“三功能划分”（tripartition）在古代印欧社会人群的宗教和神话中起着关键作用，正如希罗多德告诉我们古代斯基泰人的王权是如何被授予三兄弟中的一个的，而这三兄弟一个能举起燃烧的杯盏，一个得到了战斧，一个抬起了上轭的犁。这三个阶层是由颜色编码的。祭司着白衣，武士着红衣，普罗大众的标志则是蓝色或黑色。

印欧人吟唱史诗，一种有固定章节结构的文学形式，这些史诗中的一些出现在记载的诗歌作品中并流传至今，比如《伊利亚特》或者《黎俱吠陀》。如果有人提到“驱赶牲畜”“永不熄灭的火焰”或“永生的神祇”，那他们可不算说话很有原创性。一些原始印欧人的神话似乎已经包括了世界之树或屠龙的英雄。

我们不知道或者不确切知道的是，这些原始印欧人生活在哪段时期和在什么地方。比较语言学家们提供了一些证据，是关于他们仍然作为同一个人群（和还没有开始分散）的时期的，这些证据是对他们曾经使用或未曾使用的技术的辨认。他们所使用技术的整体面貌（比如说，用到了铜但没有铁）说明他们的扩张分散开始于青铜器时代早期，大概在公元前3000年。可以确定公元前2500年的时候他们的扩张分散肯定已经开始了，因为一个定居的印欧王国（赫梯帝国）在几百年之后出现在历史记录中。我们同时也知道其他的印欧语言，比如卢维语（Luwian）和巴莱语（Palaic），出现在现今的土耳其中部赫梯帝国故土的邻近地区：它们很显然与赫梯语（Hittite）是近亲，但在这三种语言作为不同语言出现在历史记录上时它们必然已经经历了一段时间（至少数个世纪）的分化。

可以说印欧人的原住地（一般用德语标识为“原初的故乡”，Urheimat）一直在学术界是有争议的，这事儿确实容易让人抓狂。各种各样的学术怪咖提出的地点包括西藏、北非、太平洋沿岸和北极。但一直有一个显著的倾向是把欧洲人的起源地定位在他们自己的后院。感谢上帝，迄今为止我们还没看到任何美国语言学家打算这样干。

关于“原初的故乡”两个最为广泛接受的理论分别定位在安纳托利亚（现今的土耳其亚洲部分）和现今俄罗斯南部的大草原。在英国考古学家和语言学家科林·伦弗瑞（Colin Renfrew）的理论模型中安纳托利亚是起源地：他认为印欧诸语言是被早期扩张走出中东的农牧人群在约公元前7000年的时候带出来的。而这一扩张是曾确有其事的，有足够多的

考古学和遗传学证据证明这一点。问题是那次扩张是否引致印欧诸语言的传播。[\[16\]](#)

这个观点很有说服力，因为伴随着农业出现，人口大大扩张了，而数量通常会带来胜利。事实上这个观点比伦弗瑞想象的还要更有说服力，因为当安纳托利亚农民扩张进入巴尔干地区时，他们已经从事农业1000年之久了。作为早期从事农耕的人群，他们必然比本土欧洲人更能适应农业生活，所以几乎可以肯定他们有欧洲人无法通过观察和行为模仿而复制的身体力量。

可惜伦弗瑞的理论同时也有一个致命的弱点。他认为原始印欧人是部分中东人往西北扩张迁移至欧洲的，但是语言古生物学的结论认为共同起源的时间要远远比这迁移发生的时间更晚。比方说，印欧语中有一些共同的词汇是跟带轮交通工具有关的，然而带轮交通工具在公元前7000年这么久远的时候根本还没出现。赫梯语的基础结构显示了清晰的非印欧语族特征，看起来就好像赫梯侵略者曾把他们的语言安在一些已经在安纳托利亚出现的其他语言上面。如此一来，就跟安纳托利亚印欧人都是中东移民这一说法相矛盾了。乌拉尔语族（包括芬兰—乌戈尔语族）显示了曾跟早期印欧语广泛接触的特征，他们有可能有共同的起源。而因为芬兰人居住在如今是俄罗斯的森林地区，这就说明印欧人并非起源自中东。

第二种，同时也是更为广泛接受的解释是坟冢假说（Kurgan hypothesis），由玛丽亚·金布塔斯（Marija Gimbutas）在20世纪50年代提出。她考证南俄大草原（介乎黑海与里海之间的干草原）上的坟冢文化人群是原始印欧人。如果她的理论成立的话，那么原始印欧人是一个游牧人群并经历了一系列扩张，其中一些扩张以军事侵略的形式进行。金布塔斯认为他们是骑马的武士，而他们的优势来自较早开始驯养野马。问题是没有任何证据证明这一时期存在骑马的武士，事实上往后的两千年内也没有。最早的马拉战车的证据出现的时间对这个印欧军事扩

张的理论来说实在太晚了。此外，有理由相信通常军事侵略的赢家都把自己放在统治精英的地位上，而不是把被征服人群彻底消灭。

也有另一系的理论认为印欧扩张是渐进地、和平地进行的，跟当今人类和有记录的历史过程中人类军事扩张的方式截然相反。或许金布塔斯考证的坟冢文化人群是原始印欧人这个结论是对的，只是把他们的“作案手法”给搞错了。

牛奶和坟冢文化人群

坟冢假说的许多改进版本符合许多事实，然而它们都无法解释为何原始印欧人的扩张代价是与他们拥有相似技术的邻近人群的消亡。在战争中有效运用马匹这一做法出现的时间似乎无法解释原始印欧人的扩张，而即便它出现得足够早，那也无法解释为何其他人群没有快速获得驯养野马的技术并同样把马匹投入作战。大草原印第安人就曾在很短时间内掌握了轻骑兵作战的要领，为何南俄大草原上的非原始印欧人就不行呢？

往后出现的帝国的建立部分得益于一种雪球效应：当它们变得越大时，它们同时也越强劲，直到它们的扩张被地理屏障或远距离通信的障碍所阻止。当罗马人统一了现今的意大利地区时，他们就变得势不可当了。然而就我们目前所知的，印欧扩张过程中就没有出现这样的事情。那时对于这类帝国组织的出现来说还为时过早，没有核心司令部，没有首都，没有国家。如果一个边远的印欧部落跟邻近的非印欧人群闹矛盾的话，这个部落大概就得自己解决问题。印欧人最多只有地区联盟。早期印欧人群必然有某种优势使他们扩张了那么远，而他们在随后的1000年中一次又一次地扩张，能做到如此，得有某种无法复制的优势。

让我们从所知的关于原始印欧人的语言学证据着手，去解决这一谜题。我们知道印欧人并不特别擅长或适应谷物种植，因为他们本质上是一群游牧民。他们从中东最早的农牧中心迁走。我们同时也知道原始印欧人在技术和复杂社会形制两方面都挺落后。当时，苏美尔人发明了轮子、书写和算数，拥有城市和延伸的灌溉系统，而同一时期的原始印欧人最多也就驯服了野马。

我们认为有利于印欧扩张的因素是生物学上的，即高频率的欧洲乳

糖耐受突变（乳糖酶13910—T等位基因高频率出现）。一般认为乳糖耐受是驯养牲畜的结果，是一种文化上的革新。这种革新使自然选择青睐一种新的突变，让乳糖酶在成年个体上也同样能合成。但这一革新还有别的意义。

一开始自然选择就青睐携带乳糖耐受突变的个体，但这突变很稀少，其社会效应很小。牛被用以犁田和拉货车，它们的肉可以食用，同时它们也是皮革和兽脂一类副产品的来源。但是当乳糖耐受等位基因变得更常见时，大部分成年人能饮用牛奶，人们就可以采用一种新的畜牧模式了（养牛主要是取奶而不是取肉）。这是一个意义重大的转变，因为制乳业比养牛取肉要更高效。^[17]制乳的畜牧者在同一数量的土地上能产出更多高质量的食物，每英亩可以获得5倍的卡路里，所以印欧人中更高频率的乳糖耐受基因使得他们的土地承载量上升。

普通生态学理论指出当相似的人群使用同样的资源时，拥有更大承载量的那个总是胜出。更直白地说，原始印欧人在同样数量的土地上能养育更多武士，而这正是扩张的秘诀。地区人口增长引发的农业扩张诸理论背后也是同样的基础原理。这些理论提出人口扩张模式：农耕使得每英亩土地能生产更多的食物，因此农民会在数量上超过狩猎者，即农耕人口扩张，狩猎者人口下降。

原始印欧人或许在谷类农业比较边缘的地域最具竞争力。在南俄大草原上，有降雨量这一限制因素，养牛比谷类种植更具竞争力，在制乳业开始前就是如此。喝牛奶的印欧人具有绝对的竞争优势，应该是很快就散布到整个大草原上了。在北欧的大部分地区，更短的生长季肯定与诸如小麦一类的谷物生产相抵触，尤其农业在那些地方产生不久，谷类只有很少的时间去适应地区气候。最终其他的谷类，比如更适应当地气候的燕麦和黑麦，渐渐被广泛种植。它们一开始大概是作为小麦和大麦田里的野草意外出现的。然而这发生在青铜器时代，远远在农业引进之后。在新石器时代晚期的北欧制乳业肯定比谷类种植要更有成效。即便

不是制乳业，也可能是游牧生活中其他相似的优势起了决定性作用。看起来原始印欧人所从事的游牧模式的确在与别的人群竞争时显出优势。

当原始印欧人从事制乳业之后，他们越来越依赖他们的牛群而越来越少从事谷物种植，从而他们机动性会增强，而这是一种军事优势，尤其在遭遇农民的时候。农民有家园和村庄需要保卫，游牧者就可以随时随地打仗。希罗多德告诉我们波斯帝国的首领大流士在公元前512年如何想要入侵俄罗斯草原，这片土地随后又如何被斯基泰人控制。斯基泰人的生活方式或许就十分类似于原始印欧人，而他们更有优势的地方在于充分控制了马匹。他们看起来很早就开始饮用牛奶，事实上《伊利亚特》一书中就有关于此的内容。[\[18\]](#)

当大流士入侵的时候，斯基泰人撤退到越来越深的草海之后——所幸他们没有城市和田园，所以撤退没有任何代价。大流士最终意识到自己的远征是毫无成果的，在弹尽粮绝之前就撤兵了。[\[19\]](#)

大流士毕竟有强大的国家和强大的军队，他虽然不能征服斯基泰人，但足以应对他们的入侵。而在印欧人扩张的早期，他们遭遇的巴尔干农民从公元前6000年就开始耕种，然而并不在一个强大的中央政府统治下。在大约公元前4200年的时候，情形已经很糟糕了。远古的村落被放弃，先进的金属生产和制陶业变得稀少，居民转移到容易抵御侵略的地方，比如洞穴、坡顶和海岛。我们看到类似于早先在大草原上出现的坟墓越来越多〔有意思的是，坟墓中出现的个体平均身高几乎比该地区早先的人们高4英寸（约10厘米）——牛奶的确对身体有好处〕。

我们猜想国家出现以前的农民肯定在遭遇印欧游牧民的时候遇到一堆麻烦。还不仅仅是制乳业更加有生产成效和增加了人群的机动性，而且它也使牛群更加有价值，而牛群比稻谷堆要容易偷多了——它们自己能走。看起来早期印欧人花了大量时间相互劫掠牛群，为了牛群打仗，为之前的偷袭盘算各种复仇，总之就是引起各种骚乱。由此他们成了一

个武士社会。游牧社会的整体趋势（制造麻烦的天赋）是1000年亚欧历史的主题。当农耕人口开始建造强大的国家的时候，来自游牧民的威胁减少了一些；但是在中世纪国家势力减弱、草原势力增强的时候（在成吉思汗时期达到顶峰），来自游牧民的威胁又增加了，最终在枪炮被发明之后威胁才终止。

我们认为印欧扩张起始于乳糖耐受突变的频率增高，当其频率增高至足以使整个人群转型从事制乳业经济的时候，印欧人就迅速扩散至整个南俄大草原。这迅速的扩张就有可能导致说近似语言的同一人群分散在从当今的乌克兰直到乌拉尔河地区这一广阔区域。因为扩张如此迅速，语言还没有分化，所以这一广大区域中分散的人群说的还是相似的语言。印欧人前进的步伐持续至进入欧洲，在那里制乳业在生态学效应上足以跟早期农业竞争，而且前者催生了一种远远更具侵略性的文化。印欧文化很可能是更好战的，因为印欧人群的高机动性、更多的人口数量和更好的营养使他们能比其他人群更经常赢得战争。而他们的胜利反过来又会提升他们的军事行动效率，从而成功哺育了更多成功。

从印欧人基因在欧洲基因库占的相对低的比例来看，他们似乎实行的是精英统治，做被征服人群的统治者但没有摧毁或替代原先的居住者。然而相对小的精英人口常常能够让所有其余人口说他们的语言。此外，印欧人还把乳糖耐受的等位基因加进了本地的混合基因库。乳糖耐受突变在印欧人入侵前的欧洲很罕见或根本不存在，然而当制乳业受自然选择青睐的时候，它就在欧洲变得很常见了，特别是在北欧。[\[20\]](#)印欧语言和文化在制乳业流行的地域传播扩散，比方说，它们还进入了南欧和伊朗，然而中东的强势国家们似乎阻止了这些语言文化进入中东。

和其他种种原因相似，边缘扩张似乎还受历史推动力的驱动：一个人群如果长久以来在战争和劫掠中取得成功，他们就会继续扩张至他们没有特殊生态优势的地方。印度—雅利安人进入当今的印度地区大致就是这样的情况，而当时本土印度文明的衰败有可能也使得这一扩张得以

发生。当今的乳糖酶13910—T突变体频率在北欧某些地区已经高达100%；它在印度北部也很常见，甚至在一些撒哈拉沙漠以南的游牧人群中也以低频率出现，比如说富拉尼人（Fulani）和豪萨人（Hausa）。

此外，有理由相信这一历史现象发生了至少三次。尼罗河上游地区的东非畜牧者和再往南的地区的人群是乳糖耐受的制乳者，他们身上带有比印欧人晚些的乳糖突变体。^[21]他们同样也扩张了，也变得好战，他们和早期印欧人的宗教和社会结构有许多神奇的相似之处。^[22]

如果以上种种都是真的话，那么8000年前一个单一突变在特定游牧人群中的出现最终决定了当今半数人类所说的语言。这跟托尔斯泰认为个体在历史中不重要的观点可无法相融。当然，决定个体胜利的是想法、智慧和性格，绝不是消化！

^[1]Lawrence H.Keeley,*War before Civilization:The Myth of the Peaceful Savage*(New York:Oxford University Press,1996).

^[2]L.Luca Cavalli-Sforza et al.,*The History and Geography of Human Genes*(Princeton,N.J.:Princeton University Press,1994).

^[3]Montgomery Slatkin and Christina A.Muirhead,“A Method for Estimating the Intensity of Overdominant Selection from the Distribution of Allele Frequencies,”*Genetics* 156,no.4(2000):2119—2126.

^[4]Kristin N.Harper et al.,“On the Origin of the Treponematoses:A Phylogenetic Approach,”*PLoS Neglected Tropical Diseases* 2,no.1:e148doi:10.1371/journal.pntd.0000148.

^[5]Noble David Cook,*Born to Die:Disease and New World Conquest,1492—1650*(Cambridge:Cambridge University Press,1998).

^[6]William H.McNeill,*Plagues and Peoples*(Garden City,N.Y.:Anchor Press/Doubleday,1976).

^[7]Alison P.Galvani and Montgomery Slatkin,“Evaluating Plague and Smallpox as Historical Selective Pressures for the CCR5-delta32HIV-Resistance Allele,”*Proceedings of the National Academy of Sciences* 100,no.25(2003):15276—15279.

^[8]Analabha Basu et al.,“Genome-Wide Distribution of Ancestry in Mexican Americans,”*Human Genetics*,DOI 10.1007/s00439-008-0541-5.

^[9]Ana Magdalena Hurtado et al.,“The Epidemiology of Infectious Diseases among South

American Indians:A Call for Guidelines for Ethical Research,”*Current Anthropology* 42,no.3(2001):425—432.

[10]Richard Gordon,*Great Medical Disasters*(New York:Stein andDay,1983),41.

[11]Henry Kamen,*Empire:How Spain Became a World Power,1492—1763*(New York:HarperCollins,2003),205.

[12]Charles R.Darwin,*The Voyage of the Beagle*(New York:Bantam Books,1958),376.

[13]Aristotle,*History of Animals*(New York:Kessinger,2004),226.

[14]Alfred W.Crosby,*Ecological Imperialism:The Biological Expansion of Europe,900—1900*(New York:Cambridge University Press,1986),139.

[15]James P.Mallory and Douglas Q.Adams,*The Oxford Introductionto Proto Indo European and the Proto Indo European World*(NewYork:Oxford University Press,2006);David Anthony,*The Horse,the Wheel,and Language:How Bronze-Age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World*(Princeton,N.J.:Princeton University Press,2007).

[16]James P.Mallory,*In Search of the Indo-Europeans:Language,Archaeology and Myth*(London:Thames and Hudson,1989).

[17]Raymond D.Crotty,*When Histories Collide:The Development and Impact of Individualistic Capitalism*(Walnut Creek,Calif.:AltaMira Press,2001);Morton O.Cooper and W.J.Spillman,“Farmer’s Bulletin No.877—Human Food from an Acre of Staple Farm Products,”*Farmers’Bulletin* of the U.S.Department of Agriculture(Washington,D.C.:GovernmentPrinting Office,1919).

[18]《伊利亚特》中的那一行被翻译成“The Hippemolgi,whose diet is mares’milk...”Homer,translated by Stanley Lombardo,*Iliad*(Indianapolis:Hackett,1997),239.

[19]Herodotus,translated by Aubrey de Selincourt,*The Histories*(New York:Penguin,1972),310—315.

[20]J.Burger et al.“Absence of the Lactase-Persistence-Associated Allele in Early Neolithic Europeans,”*Proceedings of the National Academyof Sciences* 104,no.10(2007):3736.

[21]Sarah A.Tishkoff et al.,“Convergent Adaptation of Human Lactase Persistence in Africa and Europe,”*Nature Genetics* 39,no.1(2007):31—40.

[22]Bruce Lincoln,*Priests,Warriors,and Cattle:A Study in the Ecologyof Religions*(Berkeley:University of California Press,1981).

第七章 中世纪演化：阿什肯纳兹犹太人如何获得他们的智慧

阿什肯纳兹犹太人，也就是欧洲犹太人，1200年前在莱茵河畔开始成为一个独特的群体。“阿什肯纳兹”一词就是希伯来语中的“德国”，所以阿什肯纳兹人的字面意思就是“德国犹太人”，虽然他们后来居住在许多其他地方，特别是波兰。

今日的阿什肯纳兹犹太人大约有1100万，散居在世界各地，在以色列和美国的聚集群体人数最多。也有许多其他的犹太人群体，比如曾久居西班牙的塞法迪犹太人，中东和北非的米兹拉希犹太人，印度的以色列人，但全世界最大的犹太人群体是阿什肯纳兹犹太人。

在过去的数百年间，他们对世界产生了巨大影响，而且他们对科学、文学和其他文娱方向的贡献大得惊人。难道他们比其他人类群体更聪明吗？

很明显答案是肯定的。阿什肯纳兹犹太人是所有已知人类群体中智商最高的，平均值在112到115，比欧洲人的标准值100要高多了。这一事实有其社会学意义，因为智商[IQ，以智商测试或其他同类测试结果衡量，比如美国研究生资格考试（GRE）或学术能力测验（SAT）]值能最好地预测个体在许多学术领域和学术职业中能否成功。^[1]就像他们的智商测试结果所预计的那样，犹太人确实在此类职业中大获成功，他们在需要最高认知能力的学术领域中的供职和取得的成就都远远超出他们在人口比例中的分量。

我们可不是最早发现这一点的。事实上欧洲犹太人被公认特别聪明

已经很长时间了。比如说，在世纪之交的伦敦，犹太人在教育系统内获得的荣誉和奖项多得不成比例。^[2]而在古典时期可不是这样的：现存的古代希腊、罗马著作没有任何提示说犹太人异乎寻常地聪明。

那么为何德系犹太人特别聪慧呢？

想要解答这个谜题，或许我们可以看看关于阿什肯纳兹犹太人的DNA我们都知道些什么，因为事实证明它们还有另一个有趣的特征。即，它们有一组不常见的严重遗传病，例如家族性黑蒙性痴呆症、高雪氏病、家族性自主神经功能异常，以及两种不同形式的遗传性乳腺癌（BRCA1和BRCA2），这些疾病在阿什肯纳兹犹太人群体中的发病率比在其他欧洲人群中高将近100倍。在很长一段时间内，这类异常现象都引发了对另一个谜题的兴趣：为什么在这个特定群体中这类疾病特别常见？

我们相信这两个谜题有单一的解释。我们认为阿什肯纳兹犹太人在北欧逗留的时期在白领职业的自然选择中获得了成功，而这成功源自他们智力上的遗传优势。但对于智力的强势选择也产生了一些让人不愉快的副作用：提高遗传携带者智商的等位基因同时也对纯合体产生损害。

这一类解释自然是有争议的。事实上很多人排斥这一类说法：智力是可测量的，由遗传决定的，不同的人类群体间有智力上的差异。有趣的是，这些批评和斥责甚少来自从事认知测试及其结果分析的科学工作者。业内对此很少或几乎没有任何争议，智商测试是准确的，测试结果能预测学术成就和个体生活的其他方面，而且智商值有极高的遗传率。如果遗传的确能影响智力，那么一段时间后，智力带来的繁殖优势必然会带来更高的智力。这个简单的逻辑是关于自然选择的演化理论的核心：能增加繁殖的基因在人类群体中会随时间推移变得越来越常见。

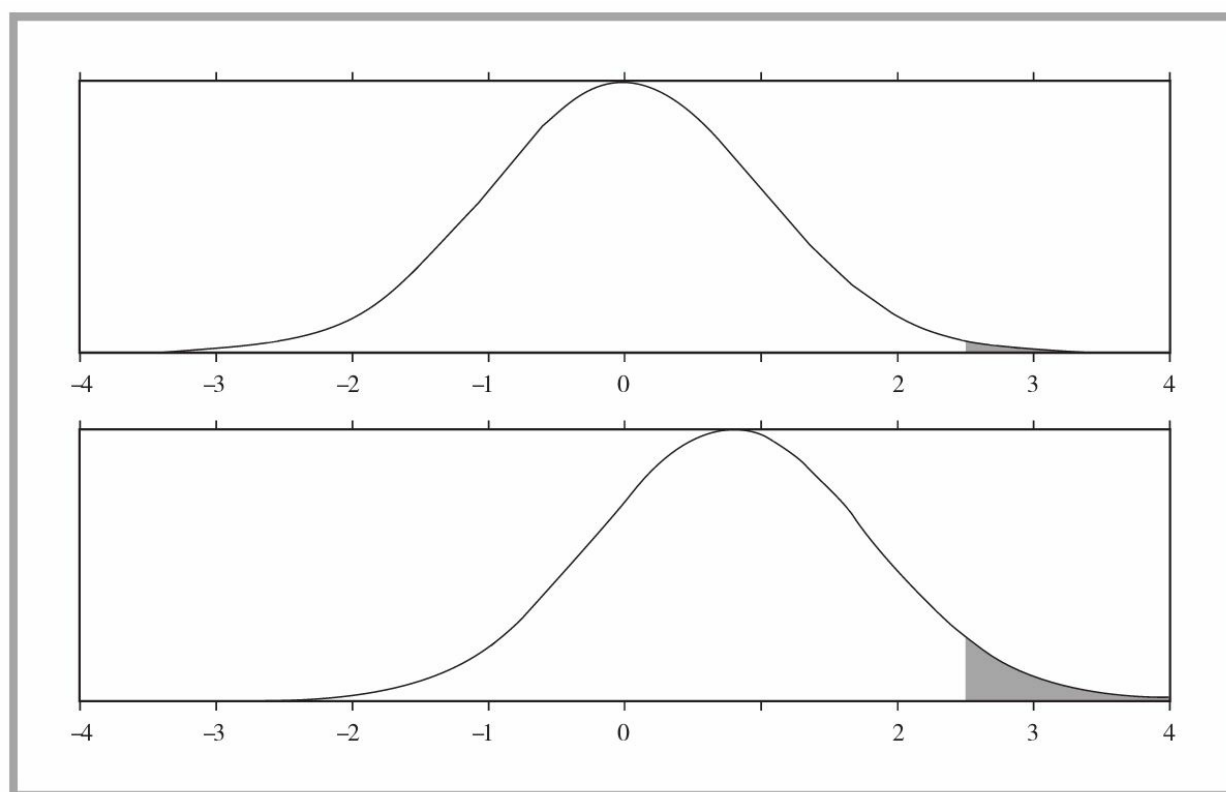
阿什肯纳兹犹太人的显著智性

犹太人的智性惊人地显著。之前已经提过，阿什肯纳兹犹太人在科学领域的工作者人数比例远高于其他群体。他们在伟大科学家中所占的人数比例大约是你预计的（基于他们在欧美的人口比例）的10倍。在过去两代人的时间里，他们拿了超过1/4的科学类诺贝尔奖项，而他们占世界人口不到1/600。虽然他们只占美国人口的不到3%，在上述时间段内^[3]他们赢得了美国人拿到的科学类诺贝尔奖项总数的27%，以及图灵奖（每年由美国计算机协会颁发）总数的1/4。^[4]阿什肯纳兹犹太人占了20世纪国际象棋世界冠军的半数。美国犹太人在其他领域取得的成就也高得难以置信，比如在商业领域（他们占了首席执行官总数的1/5^[5]）和学术领域（他们在常春藤盟校的学生总数中占了22%^[6]）。虽然这类统计数据体现了在多种多样的学科和领域中的智性，但我们这里着重探讨科学和数学上的成就，因为我们认为它们比其他方向的成就更容易客观地测量。几乎所有人对科学领域和数学领域的重大发现都能达成一致的评价，然而对艺术和文学领域的成就没有相应客观的评估标准。比如说，弗洛伊德理论是心理学领域里程碑式的成就，还是像宠物石头一样，是愚蠢易逝的短暂潮流？我们不知道（虽然我们的确有很强的疑虑），而且我们也没有什么公正客观的办法找到答案。

关于阿什肯纳兹犹太人的成就的数据或许听起来平淡无奇，但它们指向的可是诸如阿尔伯特·爱因斯坦这样的提出了狭义相对论的伟人。此理论结合了力学和电磁学并引出原子能理论。这数据还包括约翰·冯·纽曼，博弈论的创立者之一，曼哈顿计划和氢弹制造计划中的重要人物；还有理查德·费曼、朱利安·施温格和默里·盖尔曼，这些都是粒子物理学最重要的一些理论的缔造者。

这一科学族谱延续至今，作为阿什肯纳兹犹太后裔的伟大当代科学家们包括爱德华·威滕和格里戈里·佩雷尔曼。威滕是普林斯顿高等研究院的物理学教授，为弦理论的发展做出了重要贡献，并深入研究了数学物理和低维拓扑学之间的联系。他是第一个获得菲尔兹奖（Fields Medal, 1990）的物理学家，这是数学领域的最高国际奖项；2008年他获得了克拉福德奖（Crafoord Prize），一项国际科学奖。俄罗斯犹太数学家佩雷尔曼在2002年证明了庞加莱猜想，拓扑学领域最著名的未解难题。因为此项工作他被授予菲尔兹奖，但他最终拒绝领奖，因为另有人想要因他的解题而邀功，而他对职业数学家们的道德标准深感失望。

但这些都不意味着典型的阿什肯纳兹犹太人是特别智慧的。他们的智商平均值大约是112，大约是欧洲标准值之上一个标准偏差的3/4。然而，一个像这样的很小的差异就对钟形分布曲线远端的个体数量产生很强的影响。这差异已经足以大大提升高智商个体在群体中的比例。



两道平均值不同的钟形曲线

德系犹太人的这一模式比其他类型的人类群体多样性特征让人更感兴趣。比如说，如果一个特定的人类群体都长着特别大的耳朵，我们也会感到很惊异，但那毕竟对我们的生活没有太多影响。而源自阿什肯纳兹犹太人的思想，比如狭义相对论和博弈论，则深深影响着我们的日常生活，无论我们有没有意识到这一点。他们的智慧在许多重要的层面影响了世界，在我们的时代驱动了最重要的发明、演进和创造性的工作。

阿什肯纳兹犹太人的显著智性同时也是演化意义上非常晚近的。阿什肯纳兹犹太人的极高智性成就都是最近200年的事情。

1800年之前的阿什肯纳兹犹太人历史

古代犹太人群体曾经受过许多重大的磨难和变迁，比如说巴比伦放逐、希腊征服、哈斯摩尼王朝统治和起义反抗罗马帝国，这部分历史为现当代犹太文化建立了一些必要的前提条件，然而总体上它和我们这里要讨论的无关。在这一时期犹太人和其他人类群体很相似。那时大部分犹太人都是农牧民，就和大部分其他的定居群体一样，而他们一定也经历过和其他农牧业人群相似的进化压力。当其时，他们的智力并不突出。

在古典时期他们没有对数学和其他科学学科的前身做出过什么贡献。有相当数量流传下来的古典学典籍提及犹太人，然而没有任何地方提到他们有异乎寻常的智慧。这“没有任何地方”是指我们在古典学典籍中没有找到任何一段提及犹太人的过人之处，^[7]这和提及古希腊人的段落形成强烈对比，显然那时所有人都觉得古希腊人异常的聪明。

犹太人关键的文化上的前提条件（对日后德系犹太人关键的）是一种需要读写能力的、强烈反对族外通婚的、长时段内几乎不加改变的繁衍生息的社会组织模式。这种模式（拉比犹太教）并不是从一开始就存在，而是在公元70年第一次反抗罗马帝国的起义中提图斯毁灭神庙后的数个世纪渐渐出现的。它最初起始于以色列，后来出现在美索不达米亚的犹太人群体中，这和《塔木德》的出现和传播过程碰巧是重合的。

《塔木德》是关于犹太法律、习俗和历史的著作的合集，《妥拉》和《塔木德》是拉比犹太教的核心文书。

读写能力本身并不要求高智商，然而它或许对犹太人自流放后从一个部落向一个城市职业阶层的转变是很重要的。读写能力使得他们获得特许从事许多城市职业，而他们本来并没有特别的生物学层面的优势去

从事这些职业。^[8]禁止族外通婚也很重要，因为在与邻近群体自由通婚的人群中局部选择压力是无法起作用的。族外通婚会快速冲淡群体中有益的等位基因，因为从外部人群中引进的等位基因会轻易使群体内自然选择的结果难以实现。

事实上，经历流放之前的犹太人遗传特征从任何方面看都不起眼。我们使用了基因标记指明德系犹太人袭得了多少中东血统，所得结果帮助我们在目前的讨论中预测了德系犹太人和其周边群体之间的基因流动的程度。大致出于差不多的目的，欧洲的阿什肯纳兹犹太人定居地也引起了我们的兴趣，因为在那些地方可能出现潜在的遗传瓶颈。

在公元135年的巴尔—科赫巴起义之后，大部分犹太人都居住在以色列之外。他们聚集在罗马帝国东部的安息帝国（后来的萨珊帝国）。曾有人口数量可观的罗马犹太人，也曾有其他的帝国西部的犹太定居地，例如科隆地区，虽然关于此的记录实在少得可怜。古典时期流放中的犹太人大多是城市人口，但城中这些犹太人一般都贫穷，他们是匠人和劳工，而不是借贷者和经理。^[9]把晚近的犹太文化模式（金融业和塔木德学术传统等）投射到这些模式还未出现的往昔是个很诱人的主意，但这是不对的。在穆斯林征服之后，绝大部分犹太人依照伊斯兰律令生活。

生活在阿尔卑斯山和比利牛斯山北部的德系犹太人于8世纪和9世纪出现在历史档案中。他们的起源不明。在此前数个世纪中有三种不同的历史都有可能与阿什肯纳兹犹太人群体的兴起有关，但理论学者关于这些的认识都不甚明晰。

第一种可能性是德系犹太人（或他们中的部分）已经在法国和莱茵河地区生活了很长时间，很可能从罗马帝国时期他们就在那儿。我们知道公元300年左右科隆地区曾有犹太人群体居住，而且也曾有犹太人群体在5世纪和6世纪居住在墨洛温王朝统治下的法国。^[10]然而，公元629

年法兰克人的国王达戈贝尔特一世向自己领地内的犹太人下令：改换宗教、离开或被处决。这一改宗诏令可能迫使犹太人离开大部分法国所占的地域。在接下来的150年里可以肯定他们很少被记录在历史学文献里。这一群体的大小和存在与否都成了谜题。

第二个线索是来自伊斯兰地区（甚至远至巴勒斯坦和伊朗）的犹太商人。根据里昂主教阿戈巴德的说法，加洛林王朝的国王们策励和保护这些商人，因为他们从东方带来诸如丝绸和香料等奢侈品。^[11]这些交易者有时也在一些外交任务中担任翻译；其中一位从阿拔斯王朝第五任哈里发哈伦·拉希德那给查理曼大帝带回一头大象。

第三个线索，也是学界认为证据最充足的，说的是大部分最早的阿什肯纳兹犹太人自南欧迁徙，特别是从意大利。有中世纪早期从意大利迁徙至这一地区的特定犹太人的档案记录（包括个体的和家庭的）支持这一线索。其中就有关于哥洛尼摩犹太人家族的记录，称他们在公元917年从意大利卢卡移民至美因茨。^[12]

最早的历史档案记录中的阿什肯纳兹犹太人是长途跋涉与伊斯兰世界通商的商贩。这是一种职业模式的起始；没有任何其他欧洲群体或犹太人群体有同样的记录。当时绝大部分犹太人已经放弃农业了，但伊斯兰世界中的犹太人，虽然都是城市人口，但都是从事各种各样手艺的匠人。^[13]德系犹太人很显然绝少从事这类工作。这一模式被一个历史学家详细记录，这位学者写道：“在中世纪，有两种清晰可辨的社会模式在犹太人群体中存在，手艺实践及其在社会生活中的地位在这两种模式下是不同的。一种属于地中海沿岸的群体，包括那些在南部定居地延伸至亚洲和非洲大陆的群体，以及那些稍稍往北定居的群体，他们的居住地向北延伸至比利牛斯山地区和巴尔干地区北部一条虚拟的分界线。另外一种则属于欧洲的基督教国家，大致在比利牛斯山—巴尔干虚拟分界线之北。”^[14]这位学者另外写道：“在比利牛斯山以北和在巴尔干地区，犹太人很少从事手工业，从他们开始定居的时候起就这样。”

在公元9世纪早期起源于法国北部的阿什肯纳兹犹太人群体繁衍扩张。他们开始在莱茵河流域定居，并在诺曼征服之后进入英格兰。一开始他们是作为基督教与穆斯林世界的中介的国际商人。然而随着穆斯林和基督徒（特别是意大利人）逐渐开始直接通商，阿什肯纳兹犹太商人越来越多地开始从事本地贸易。当对犹太人的迫害越来越严重从而长距离旅行无法得到安全保障之后，德系犹太人越来越专注于金融业，这个行业对他们是敞开的，因为基督徒被禁止放高利贷。在公元1100年前绝大部分德系犹太人都是放贷者，这一模式延续了几个世纪。^[15]这些职业（交易和金融业）有很高的智商需求，我们可以肯定没有其他人类群体有这么高数量比例的人口在长时段内从事需要很高认知能力的职业。

有时我们能找到相当详尽的阿什肯纳兹犹太人的商业活动记录。比如关于南法鲁西犹太人在约公元1270年就有这样的记录：“有全面证据证明这群犹太人以放贷为生，实质上完全没有从事任何其他种类的经济活动。有记录的228名男性犹太人中近八成在向他们的基督教邻居放贷。犹太女人（几乎都是寡妇）放贷的也很常见，这些来自弱势者的资本被投资到相似的渠道。并且最积极从事放贷的犹太人似乎在他们的群体内是最受尊崇的。”^[16]

这一时期的犹太人是相当富足的。历史学家H.邦萨松写道：“公元11和12世纪的西欧深受饥荒困扰多年，（但）没有任何证据表明犹太人在这一时期碰见这样的问题。他们中的城市居民过着贵族般的生活，作为合宜的国际商人和广受尊敬的地区金融业从业者。”^[17]他们的生活标准接近底层的贵族。^[18]从而阿什肯纳兹犹太人躲过了营养不良和偶发性饥荒的侵害，这帮助他们从受迫害的损失中恢复过来。同时有可能也影响了选择压力。

然而受迫害是一个很严重的问题。虽然这一地区的犹太人很富足，但他们并不安全。第一次严重的危机是公元1096年的第一次十字军东征，致使莱茵河流域将近1/4的犹太人死亡。这一时期宗教仇恨在欧洲

持续发酵，很有可能被犹太人的商业对手加剧了，仇恨以大屠杀和驱逐人口的方式展现。受迫害模式使得阿什肯纳兹犹太人在中世纪盛期没法在他们的白领环境中过度繁衍，否则他们的繁衍和发达会发生得相当迅速。这一时期大部分西欧地区都在持续驱逐犹太人，1290年的英国，1394年的法国，以及15世纪德国的大部分地区。长远看来，人口驱逐比大屠杀和迫害对地区人口有更大的影响。犹太人口增长率是很高的，因为他们的富裕，也因为他们的信仰，他们崇尚大家族，所以犹太人口数量通常在受迫害后的一到两代人的时间里就趋向恢复。然而他们从迫害中恢复过来的潜在可能性越来越低，因为他们被越来越多的西欧国家驱逐。

许多被驱逐的犹太人向东迁徙，首先到达奥地利、波西米亚和莫拉维亚，随后抵达波兰立陶宛王国。波兰统治者欢迎犹太移民的到来，请他们帮助重建被蒙古侵略者破坏的国家并使其跟上时代发展。犹太人是受欢迎的城市设计者、投资者和贸易发起者。其他的移民也同样受欢迎，但他们中的一些会带来政治风险，尤其是德国人，因为他们与条顿骑士团的联系。然而犹太移民是安全的，因为他们政治中立。

就像西欧犹太人一样，波兰犹太人也有不同寻常的职业记录。他们中没有农民，极少有匠人，至少在定居的最早的几个世纪是这样。最早的移民主要是放贷者，但这种情形很快改变了。他们成了税吏（就像自由职业收税者）、收费农户、房地产经理人，以及钢厂和小酒馆的业主。根据历史学家B.D.怀里波的著作，在14世纪中期“大约15%的犹太人口是赚工资和收取费用的，其余的则都是独立的商业产业拥有者”。^[19]他们曾是波兰立陶宛王国的管理者阶层。除了读写能力之外，在这些特定职业上取得成功所依靠的是类似于现今商人的素质，至少也需要有追踪复杂交易和资金流动的能力。

最终，随着波兰立陶宛王国的阿什肯纳兹犹太人人口数量上升，越来越多的犹太人成了手工艺者——毕竟对管理和金融职业的需求也是有

一定限度的。然而在800到900年的时间段内，也就是大致从公元800年到公元1650或1700年，绝大部分的阿什肯纳兹犹太人从事的是管理和金融业，也就是复杂度很高的职业，他们几乎从来不当农民和匠人。在这个方面他们和所有其他定居人口都有所不同。事实上，在那个时代任何占有领地的人类族群都不可能有那么高比例的人口从事白领职业，因为这样农业生产率就会过低。九成的人口都必须务农，从而生产足够的粮食去养活他们自己和社会顶层少量的统治者、文员、士兵、匠人以及商人。对白领职业的自然选择只有在这一阶层独自成为一个族群的时候才有可能成功，这一族群必须靠职业而非其据地而界定。

在高复杂度职业中取得成功的犹太人享有更高的遗传优势。学者怀里波说：“在富裕的家庭中有更多的孩子能活到成年。总体上属于更富裕阶层的许多商业领袖、显赫拉比、群体领袖和类似个体的谱系显示，这些人通常有4个、6个甚至8~9个孩子活到成年。与此相反，有证据表明更贫穷的家庭则通常都是更小的家庭。这里还需要说明的是，更贫穷的阶层生活在拥挤的区域，那里传染病更容易流行。”^[20]总而言之，怀里波写道：“波兰犹太人的儿童存活率在不同的社会阶层中有显著的差异。”^[21]他同时也提到更富有的犹太人生活空间十分宽敞，因为他们生活在更大的房子里；同时他们也能保障房子的供暖，能请得起奶妈，能在城中传染病流行的时候躲到乡下的寓所。他援引了1764年布罗迪市的统计数据作为例证，数据显示独立房主平均拥有的孩子数量是1.2个，而佃户只有0.6个。^[22]

伊斯兰世界中的犹太人与德系犹太人有不同的职业模式，他们并没有很高比例的人口集中从事白领职业。他们中的一些在某一地从事此类职业，但从来没有在任何时段和地域内犹太人居民中的大多数同时从事白领职业。这部分是因为其他的少数族裔如希腊基督徒或亚美尼亚人也在这些职业竞争中取得成功，部分也是因为穆斯林对文职的推崇高于中世纪的西欧基督徒，他们中的许多人自己就从事文职。更重要的是，在中世纪，伊斯兰世界总体上对犹太人的迫害较少，所以有更多的

犹太人定居，事实上定居的犹太人数量已经超过了白领职业的数量。

事实上，在伊斯兰世界的犹太人很大程度上会被分配一些“肮脏”的工作，尤其是在14到20世纪穆斯林相对衰落的年间。[\[23\]](#)这些工作包括清理污水池和干燥制作燃料所需的填充材料，这些是摩洛哥、也门、伊拉克、伊朗和中亚的所有犹太人共同的职业。犹太人中有皮匠、屠夫、刽子手和其他不受待见或受鄙视的职业者。这类工作必然只需很低的智商弹性：才华横溢的皮匠和刽子手赚不来钱。

出现智力差异

我们所感兴趣的自然选择过程或许在中世纪时已在进行中，但其结果直到1800年还并不明显，那时候没有智商测试，也没有由阿什肯纳兹犹太人做出的科学或数学的新发现被记录。

有可能如果不是反闪米特主义使得犹太人失去大部分职业的选择，情形就会有所不同。1800年时，对犹太人职业和参与公共生活的严格禁令才刚刚放开。同时，另一个可能的原因是德系犹太人数个世纪以来都对自然哲学不感兴趣，这使得他们没有跻身早期欧洲科学家和数学家之列。阿什肯纳兹犹太人的领袖们确实常常对自然哲学的探索持抵制态度。自12世纪迈蒙尼德的著作面世以来，绝大部分犹太宗教领袖都倾向于认为哲学不如对《妥拉》（希伯来圣经的前五书）的原义诠释。

自1204年迈蒙尼德离世后，他的哲学作品都被处以（宗教）禁令（herem）；14世纪初的拉比和学者所罗门·亚伯拉罕·阿德雷特签发了另一道禁令，禁止“任何25岁以下的犹太团体成员学习希腊自然科学和形而上学”。^[24] 尽管这一时期的德系犹太人为《塔木德》的研究投入了巨大的智力资源，我们不相信得来的成果为思维敏锐性提供了任何证明。除却其对犹太文化和宗教的重要性，可以说在犹太群体之外它没有引起多大关注。

另一个影响因素是阿什肯纳兹犹太人所在的地方不对：自然科学和技术在西欧涌现，而不在波兰立陶宛王国。事实上，犹太人之所以在东欧受欢迎就是因为那里落后，所以急需他们的技能。

然而种种因素都在1800年前开始改变，1791年，法国成为欧洲首个赋予犹太人平等权利的国家，而随着拿破仑的征服，这一政策被传到了

欧洲许多地方。即便在没有完整民事平等权利的一些国家，比如英国，犹太人也逐渐享有更高的权利。犹太主义内部兴起了一些启蒙运动，渐渐远离犹太社区狭隘的价值观，情形便不一样了。正如英国历史学家艾瑞克·霍布斯鲍姆所言：“就好像高压锅的盖子被揭开了。”[\[25\]](#)

19世纪前半叶阿什肯纳兹犹太科学家和数学家开始出现了——他们是杰出的诸如卡尔·雅各比和利奥波德·克罗内克这样的天才。他们都出生在德国，那里其实只有少部分德系犹太人居住。随着时间推移，文理两个方向都有了更多重要的犹太学者。这个过程本来还可能更快些，然而在波兰被瓜分后绝大部分犹太人住进了俄国，那里思想解放的步伐比较慢。许多德系犹太人从东欧移民了，一些去了西欧，一些去了美国、加拿大、阿根廷和南非。在新的地域，他们得以更自由地实践他们的才华，在20世纪开始时，阿什肯纳兹犹太人已经在自然科学和数学的各个领域起着重要作用。阿什肯纳兹犹太人在科学领域的势头在20世纪后半叶更加强劲，直到今天这个情形仍在延续。

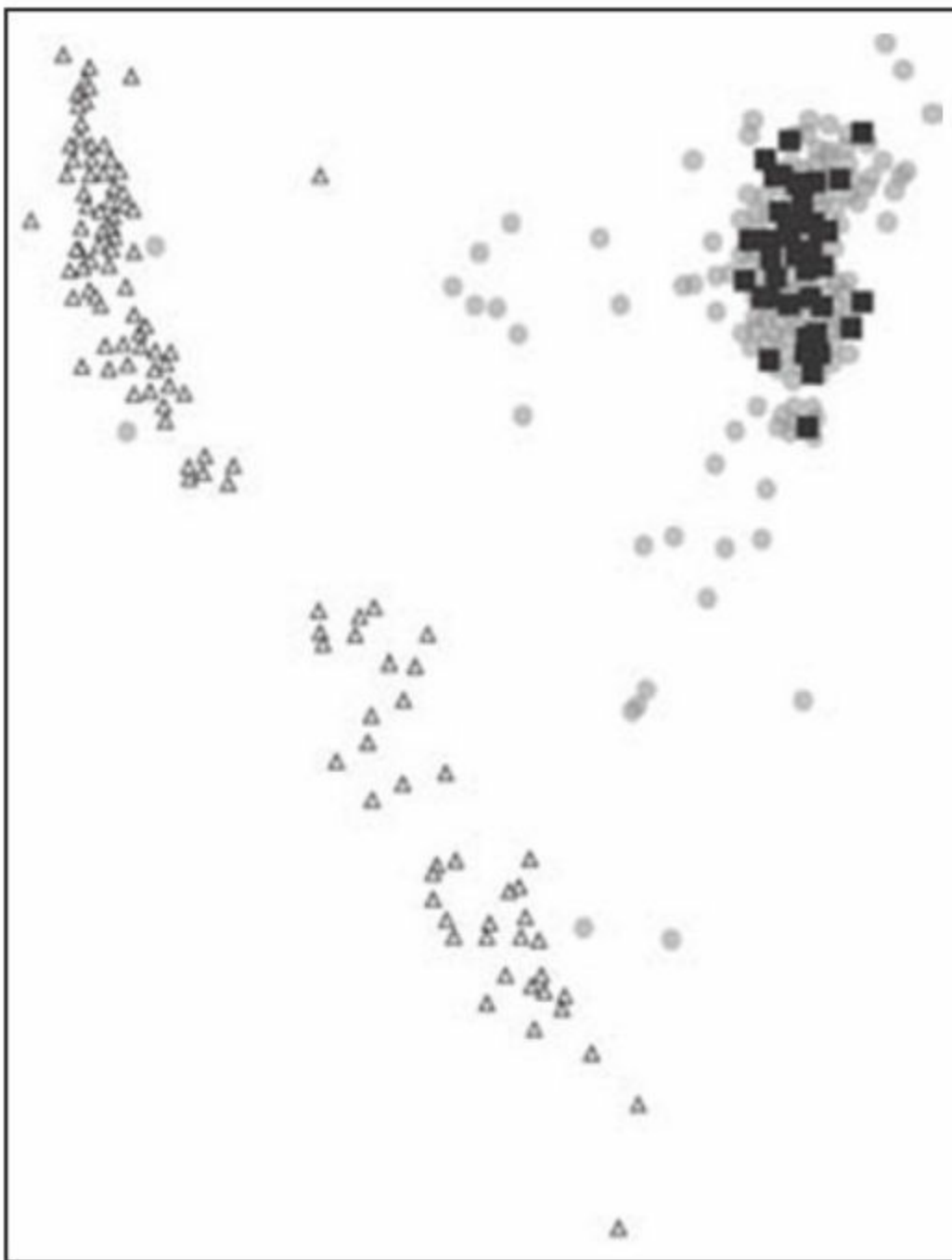
一个遗传特征独特的人群

对于阿什肯纳兹犹太人有生物学上的特异性或特殊性这一说法的一个常见反驳是：严格说来他们是依附于一种宗教而不是一个种族，所以他们不可能有什么共同的显著遗传特征。还有一些说法提到改宗的问题，常常会提到伊丽莎白·泰勒或小萨米·戴维斯这类改宗犹太教的近代名人。在《犹太族神话》（*The Myth of the Jewish Race*）一书中，拉斐尔·保陶伊和珍妮弗·保陶伊提出这样的观点，认为邻近人群的基因流入（通过改宗）、通婚和非婚性行为使得犹太人群不可能演化出显著的共同遗传特征。[\[26\]](#)确实，犹太人作为一个整体，并不是单一的遗传特征独特的人群；然而他们中的一些亚群体的确是的，尤其是德系犹太人。有很强的证据表明这个人群中有常见的诸如家族性黑蒙性痴呆症这样的遗传病，而且研究DNA的新技术使得如今关于这一点有了更多信息。来看一看，单核苷酸多态性（SNP）的诸种呈现可不会撒谎！[\[27\]](#)

从欧洲遗传学亚结构分析（见下页图）上可以看出：所测量的等位基因在一组人群中比在另一些人群中更常见，哪些个体属于这个人群便可由此断定。阿什肯纳兹犹太人（途中的圆和方形，聚集在图右上方角落）可以从其他欧洲人群（三角形）中清晰地分辨出来。爱尔兰人、斯堪的纳维亚人、德国人和不列颠人占据了群岛的左上端，希腊人和意大利人则在左下端。阿什肯纳兹犹太人是一个可以明确分离出来的群体，从密集聚集的方形（两边一共四位祖父母全是阿什肯纳兹犹太人的个体）尤其可以清晰地看出来。在很长的时段内，阿什肯纳兹犹太人（和其他犹太人群体）都是实行族内婚的，他们很少与他们信仰之外的群体通婚，也绝少接受改宗者。只要族内婚的模式可以一直持续，群体就可以保持自己独特的遗传特性，或逐渐呈现出与邻近人群遗传学上的差异。当这个人群中的大部分人的祖先是来自其他地方的时候（在德系犹

太人这个例子中，他们来自中东），又或者他们所经历的自然选择压力跟邻近人群不同的时候，遗传学上的差异就会特别明显。

有理由相信相当一部分（约40%）的阿什肯纳兹犹太人祖先是欧洲人，这一点我们随后会讨论到，但看起来来自欧洲的基因进入这个群体是非常早期的事情，可能发生的时间早至罗马帝国时期。关于这一点本身看起来就很可信，因为许多罗马帝国中的犹太人是第一次犹太起义（前73—前65）或巴尔科赫巴起义（前135—前132）的战俘。这些奴隶中的许多人后来成了自由民，而且很可能他们中的绝大部分是男性。而他们中的许多必然跟当地欧洲女人成婚，所以罗马犹太人（也就是日后的阿什肯纳兹犹太人）的母系血统肯定有显著的南欧成分。



欧洲遗传学亚结构分析

混合外来血统并不等于说德系犹太人就不能成为有独特遗传特征的单一族群。哪怕一个群体一开始是两个群体混合的结果，只要它渐渐成为族内通婚的群体（停止对外通婚）并长时间如此，这个群体渐渐就会

成为纯一的，德系犹太人的情形就是这样。比方说，如果一个人群的血统60%来自中东，40%来自欧洲，那么几十代族内通婚之后，每一个个体的血统都接近60%中东、40%欧洲这样的组合。换句话说，最终你会得到一个独一无二的人群，而当它经历的是特殊的选择压力的时候，情形尤其如此。

这意味着当你看到基因组最具信息量的部分的时候，你几乎肯定能看出一个特定的个体是不是阿什肯纳兹犹太人（比方说区别于非犹太意大利人、希腊人或德国人），尤其当他或她的近代先祖是犹太人的时候。在欧洲遗传学亚结构分析图中，圆圈代表了阿什肯纳兹犹太人个体，而实心方形代表了那些两边祖父母都是阿什肯纳兹犹太人的个体。而两种图样之间不重合的部分是值得注意的，因为在过去这个世纪中犹太人的族内通婚特性已经不像在中世纪时那么强了。

那么同样的方法是否可以用以区分阿什肯纳兹犹太人和其他犹太人群体，比如摩洛哥犹太人和也门犹太人呢？答案几乎是肯定的。虽然还没有做过这样的测量，但是区分应该是很容易做出的，因为阿什肯纳兹犹太人和也门犹太人之间的遗传距离要比前者跟西欧人之间的遗传距离大多了。

普罗大众中总有些人相信每个人的遗传档案都不一定会反映其国族性。比如说一个瑞典人没准儿就更像日本人而不像别的瑞典人。如果这个事情是真的，那么这条规律也就能运用在阿什肯纳兹犹太人身上，虽然他们并不是一个“国族”。但是，这个想法是错的。事实上，来自一个国族的个体与来自一个遥远国族的个体有着遗传学相似性这种例子从来就不存在。如果你是瑞典人（Swedish），那么每一棵“大头菜”（Swede 同时意为瑞典芜菁，这个统计不算晚近移民）都比随便哪个日本人在遗传学档案上离你更近。

如果你只考虑单一基因的话，的确有可能你跟来自日本的某人更相似：比方说，你们都是同样的血型，而你的邻居是另一种血型。然而，

即便是在这么宽泛的标准下，更可能的情况也是你和你的邻居血型相同，因为血型频率在每个国族中也是不一样的。而如果你看的是包含了约两万个基因的基因组的话，那么你每个基因都更可能跟你的邻居相似而不是跟日本人相似，你跟日本人的基因组比跟你的瑞典邻居基因组更相似这种情况出现的可能性几乎为零。就好比当你在赌场赌博的时候，肯定是赌场的赢面更大，虽然也不是百分之百。你也许能零星地赢个一局，这并非完全不可能。但有多大可能你会在一年中大多数时候赌赢，在每一局赌赢的概率都极小的前提下赢下几千局？这种可能性几乎为零，这就是为什么长远来说赌场总是盈利的。

从实际操作的角度说，如果你能凭外貌分辨出两个不同的人群，那么遗传分析也能做同样的事情。在你不能凭外貌看出来时，它有时也能进行区分。关于德系犹太人是否是一个遗传特征独特的人群这个问题如今已经解决：我们从数据上就知道他们的是的。但就凭这一点还是不足以支撑我们这一章的论题，即他们是否真的就比所有其他人更聪明，甚至他们在其他相似的方面是否也具有独特的遗传特征。具有可测量的遗传独特性不等同于这个群体实际上与别的人群有显著差异；系统性的遗传差异的确存在，但这也不等于有实质性差异的遗传结果全部显现了。

然而，如果这一套初始测量数据的结果是完全相反的，就可以直接封杀我们的论题。也就是说，如果遗传学证据证明阿什肯纳兹犹太人没有成为一个遗传特征独特的群体，或者如果可以测出有显著的基因流长期进入这个群体的话，我们所提出的（自然选择）机制就直接可以被否定了。然而目前的情况是这套初始测量数据既没有否定我们的论题，也不能直接证明我们的论题（见上段），那么这些遗传证据对于阿什肯纳兹犹太人的智性都有怎样的说明呢？

关于智商的注解

智商测试及其分数事实上对于我们的论题并不是至关紧要的，但它们很有用。智力成就是我们真正关心的方面：如果智商测试分数很低的人总是拿到诺贝尔物理学奖，或总是在统计学考试中获得高分，我们就会直接忽略智商测试。但这种情形从未发生：智商是并不完美但有效的智力程度测试。

你会常常听到一类抱怨，说我们并不真正理解智力是什么，我们也不可能真正知道如何测量它，智商测试都是有局限性的，测试分数不能预测任何事情，或者不能预言任何学校以外的事情。通常这类抱怨都掺杂了对某位熟人私下的不满，这位熟人通常有高智商值，但懒惰、讨厌或脏得不可原谅。近年来其他智力形式也特别吸引关注。丹尼尔·高尔曼（Daniel Goleman）就研究了“情商”和“社会智力”，并指出它们如何预测了职场成就和个体幸福。这些智力形式都被学者正式提出作为衡量标准。霍华德·加德纳（Howard Gardner）就提出了多元智能理论。[\[28\]](#)但这些数据几乎完全不支持这一套使得认知测试复杂化的尝试。这些特别的智力形式从来就没预测任何有用的事情，又或者当它们奏效的时候，预测的都是跟总体智力程度相关的方面。

然而智商测试是有效的，它们能预测智力表现。起初智商测试是设计来预测孩子们在学校的表现的，它们很好地完成了这项任务。它们对许多其他方面同样有中等到很高的预测能力，比如说职场表现、健康程度、猝死的风险、收入和其他或许很不明显的特征（比如得阿尔茨海默病的风险）。让我们清晰地申明立场：在此我们强调这一点，就是智商值有一定的预测能力，但不等于它们决定一切。

自然，例外的出现不可能消除总体趋势。5英尺3英寸（约1.60米）

高的马格西·博格斯（Muggsy Bogues）或许能进NBA打球，而同时有很多6英尺8英寸（约2.03米）的家伙笨得就算在高中篮球队里也得整季坐冷板凳。但总体上，高度对篮球比赛是很重要的。它不是唯一起作用的因素，也不会对成功有决定性的影响，但总体上它是会起很大作用的。智商值也是一样：在人生的很多事情里它的重要程度还不如高度对篮球比赛那么重要，但它还是相当重要的。而且智商测试并非不准确，它们在不同的族群中预测学术表现都有相同的准确程度。[\[29\]](#)

此外，智商有很高的可遗传性。这意味着一个个体的智商值会部分取决于遗传影响，从而更接近他或她的父母和兄弟姐妹而不是随便哪个别人。同一对父母生下的子女即便在不同环境下养大也会有相近的智商值，而领养的兄弟姐妹即便在同一屋檐下长大也不会有相近的智商值。

高度也是类似的：长得高的人更可能有高于平均身高的子女。事实上，成年人的智商值与身高一样主要受遗传因素影响。然而童年的智商值却受遗传影响更少，而更容易受周围环境影响。周围环境对儿童智商测试结果的影响会在青春期期间或其后消失，这成了美国先锋计划（Head Start Program）的基础，即宣扬智商值能因一定干预而提高。

非遗传因素同样会影响智商值，但很多情况下那些起作用的因素都不是人们想象会起作用的因素。父母关爱、母乳喂养、营养情况、早教、子宫中听莫扎特音乐和燕麦麸几乎都没起什么作用。而让人惊讶的是，一个家庭养育孩子的方式看起来对孩子成年时的智商值没有任何影响。这有效地反驳了一些流行的环境决定论——它们对阿什肯纳兹犹太人的高智商做各种成长环境方面的解释，尤其反驳了那些认为犹太母亲用特殊的方式抚养孩子催发了他们的高智商的论调。

阿什肯纳兹犹太人的心理测验

正如上面提到的，在所有拥有可靠智商数据的族群中，阿什肯纳兹犹太人有最高的智商平均值。那么到底高多少呢？许多研究结果表明智商均值在112—115，在欧洲均值之上0.75到1标准偏差。[\[30\]](#)更近的一个研究结果表明优势稍小一些，只有半个标准偏差。[\[31\]](#)虽然德系犹太人和其他北欧人的智商平均值看起来差距不大，但这点差距却使得两个人群中非常高智商的人群所占的比例有极大不同。[\[32\]](#)比方说，如果北欧人的平均智商值是100，而阿什肯纳兹犹太人是110，而标准偏差在两个人群中都是15，那么每1000个北欧人中会有4个人智商值超过140，而每1000个德系犹太人中会有23个，大约是6倍的差距。这是很一般的统计规律，而不是什么只和智商值有关的事情。

事实上阿什肯纳兹犹太人一般智商很高而且有相应突出的学术能力早已为人所知。在1900年的伦敦，即便身陷贫困，犹太人仍然拿到了多得不成比例的学术奖项和奖学金。[\[33\]](#)20世纪20年代，一项研究在伦敦的三所犹太与非犹太学生混合学校进行了智商测试，一所学校很有钱，一所比较一般，第三所非常穷，而结果表明在三所学校中犹太学生的平均智商值都高于他们的同学。犹太学生和非犹太学生的智商值差距稍稍小于1标准偏差，而伦敦最贫穷的犹太学校的学生智商值相当于整个城市非犹太孩子的智商均值。[\[34\]](#)

这项1928年进行的研究如今仍然有重要意义，因为它有效反驳了亨利·戈达德（Henry Goddard）在1917年发表的一篇被广泛引用的学术论文中的不实陈述。[\[35\]](#)戈达德对疑似智力发育迟缓的人进行智商测试，并发现测试结果识别出智力发育迟缓的犹太人和其他人群成员。心理学家利昂·卡民（Leon Kamin）在1974年所做的报告中称戈达德发现了犹

太人有低智商值，然而卡民引用这个研究的目的是宣称戈达德和其他20世纪20年代的智商研究者都歧视犹太人和其他少数族群。这个错误的研究被许多作者引用过，包括广为人知的哈佛进化生物学家斯蒂芬·杰伊·古尔德（Stephen Jay Gould），他以此作为智商测试不可靠的证据。^[36]古尔德似乎认为要是人人觉得犹太人智商很低，《1924年移民法案》（Immigration Act of 1924）就会更容易通过。这个法案的意图是限制东欧和南欧的移民。然而，截至1922年，犹太学生已经超过了哈佛本科生人数的1/5，常春藤联盟已经在订立限制录取犹太学生的政策（即臭名昭著的“犹太定额”），这一政策包括降低对学术成就的要求。如果20世纪20年代有人会觉得犹太人智商低，那么这个印象肯定很小众。1928年在伦敦三所学校进行的智商研究结果显示，西方的研究者已经注意到犹太人一般都比其他人群有更高的智商。

然而阿什肯纳兹犹太人的成就绝不仅限于智商测试成绩。他们在其他形式的测试中也展现了非同寻常的能力。他们在其他形式的标准测试中有很高的口头表达和数学分数，然而他们的视觉空间能力（比方说，在想象中转动三维空间物体的能力）稍微低一些——典型的德系犹太人视觉空间能力比欧洲平均水平低大约半个标准偏差。阿什肯纳兹犹太人的成功模式和他们的能力分布是相关的，他们在数学和文献研究中取得了极大的成功，而在具象的绘画、雕塑和建筑中就会不出所料地成绩稍低。

值得注意的是非德系的犹太人就没有很高的智商平均值。他们也没有在对认知能力要求很高的领域，比如医学、法律和学术界有超乎寻常的表现。在以色列，阿什肯纳兹犹太人的智商测试成绩平均比东方犹太人高14点，几乎高一整个标准偏差，意味着在大部分测试中他们的成绩要高15到16点。^[37]这种差异意味着以色列的非德系犹太人智商测试分数会比80%的阿什肯纳兹犹太人低。两个不同的犹太人群体也取得了相应的不同的学术成就，即便当两个群体的个体都是在以色列出生成长时也是这样。比方说，以色列阿什肯纳兹犹太人的第三代成员就比米兹拉

希犹太人（祖先从亚洲和北非来到以色列的犹太人）的第三代成员上大学的可能性高2.5到3倍。[\[38\]](#)

阿什肯纳兹变异

在阿什肯纳兹犹太人特别高发的遗传病中，广为人知的是家族性黑蒙性痴呆症、高雪氏病和BRCA1与BRCA2乳腺癌突变，但同时还有许多其他的疾病，比如尼曼匹克症、卡纳万病和家族性自主神经功能异常。有些会引起神经方面的问题。它们在阿什肯纳兹犹太人身上特别高发，这已经成了人类遗传学上一个长久的谜题。

理论上，除非有什么特殊的原因，这类遗传病应该是非常罕见的。新突变体（包括产生坏的影响的）在每一代人身上都会出现，但那些引起过死亡或减弱了繁衍的应该随着一代人就消失了。任何一种危害特别大的突变体应该都是稀少的；然而，每25个阿什肯纳兹犹太人中就有一个携带一副家族性黑蒙性痴呆症突变体，在童年早期就会杀死纯合体。这是一种吓人的概率。

如此频繁地影响阿什肯纳兹犹太人的突变体在另一个方面也是很神秘的。它们中的许多可以分为两类（族），都和特定的代谢途径有关：它们影响的是相同的生物子系统。想象有一本厚厚的生物化学书，每一页描述人类生物化学系统的一种不同的功能或情况，那么大部分阿什肯纳兹犹太人的疾病就在那么两页。在德系犹太人中最重要的是两个遗传性疾病群是鞘脂贮藏失调（家族性黑蒙性痴呆症、高雪氏病、尼曼匹克症、4型脂质沉积症）和DNA修复的障碍（BRCA1和BRCA2乳腺癌突变、C型范可尼贫血、布卢姆综合征）。

怎样解释这种奇怪的模式呢？我们只知道两种导致高频率危险甚至致命突变体频繁产生的机制：种群瓶颈促成的遗传漂变和自然选择。

瓶颈效应假说

许多医学遗传学家认为这些常见的阿什肯纳兹遗传疾病是人口瓶颈的产物。当一个人群在其人口数量很小的时期，人口瓶颈会出现，并通常在人口形成的初始时期。在瓶颈效应作用下，基因频率的改变几乎是随机的；就好比当你掷硬币只掷了几次的时候，又或者当你做民意测验只是问了20个人而不是1000个人的时候，你会得到不具代表性的结果（而不是理应出现的五五均等），而在人口瓶颈中，这些随机的变化有可能影响这一人群的很大部分人口。

说一个人群的人口数量“少”，大致是指个体数量不超过几百人。比如说，欧洲在中世纪肆虐的黑死病后就没有出现人口瓶颈。这场瘟疫大概夺去了欧洲半数人口的生命，但4000万幸存者绝不是少数。这个人口数量使得足够的遗传变异可以保存下来。

如果一些致命的突变体在瓶颈效应中变得常见，而随后该人群的人口数量扩张，那么在别的人群中罕见的一些遗传病就会以惊人的数量出现在这个扩张了的人群中。现实中也有几个这样的例子。拥有极少数量的原初创始者的阿米什人群体就见证了这种瓶颈效应，有几种特定的遗传失调在他们群体中有高发生率。平格拉普环礁上也出现了这样的情形，它是太平洋上的一个岛，1775年被台风摧毁，只剩下20个幸存者。如今大约有1/10的岛民有严重的色盲症。

因瓶颈效应变得常见的遗传病是一种意外的产物，所以它们没有特别的趋向进入少数几种代谢途径：就是说它们散布在整本生物化学书中，而不会集中在少数几页。

在过去几年间我们关于人类遗传学的知识急剧增加，如今我们对人

类基因总数（约2.2万）和不同功能类型的基因数量都有很好的估算——尤其是和鞘脂代谢相关的基因数量（约108个）。在特定人群中的遗传病是随机的这种前提下，我们研究了阿什肯纳兹犹太人群体中的21种遗传病，并计算了一下能找出4种影响鞘脂代谢的遗传病的概率。这个概率是非常低的，低于十万分之一。所以这种情况不可能出于偶然。

关于近期经历了严重瓶颈效应的人群，我们还能指出一些别的特征。这一类人群会有总体的遗传变化：核心基因多样化的减低、遗传连锁的增加和与其他人类群体遗传差异的增加。所有这些特征都是可测的，然而在阿什肯纳兹犹太人群体身上一种都没有出现。[\[39\]](#)

最后，遗传瓶颈不会增加一个人群的智力。如果瓶颈效应足够严重，它几乎一定会降低智力，因为中度有害的基因会在群体中变得更常见。

因此，虽然在一些情况下瓶颈效应能解释遗传疾病的高发率，但在此瓶颈效应假说根本无法解释阿什肯纳兹犹太人的遗传数据和发生在他们身上的遗传病谱系。

自然选择

剩下一种解释是自然选择，即一些等位基因增加了它们的携带者繁衍率的过程。一些基因突变在特定环境（在这个例子里是中世纪阿什肯纳兹犹太人经历过的物理和社会环境）中产生有益的效用，因而携带这些突变体的个体平均比别的个体有更多的孩子。而这些突变体渐渐变得越来越常见，并最终导致重大的改变。在一些情况下，特定的基因突变体在个体中出现一次会带来有益的效果，而在另一些个体中成双出现则带来了负面的效果——比如疾病，也就是说只带有一副突变体的人们有“杂合优势”。我们在前面的讨论中也曾提到过，关于此最著名的例子是镰形细胞贫血症，这个病症就是一个突变造成的，而当个体携带两副这个突变体时，就会出现非常危险的一种贫血症；在世界上一些地方这种疾病变得特别高发。

很明显，在一些情形下自然选择能使高发的危险遗传病甚至致命的遗传病持续。同样很明显的是，它也能使得一系列常见的突变聚集在少数几种代谢途径上。这在疟疾抵御机制的演化中已经发生过：许多影响血红蛋白分子（镰形细胞、血红蛋白C、血红蛋白E以及 α 和 β 型地中海贫血），而另一些，如葡萄糖—6—磷酸脱氢酶缺乏症（G6PD缺乏症）或血型糖蛋白C，则会影响血红细胞的其他方面。而因为疟疾寄生虫专门攻击红细胞，这种模式是很容易理解的。

杂合优势并不仅限于针对疟疾的遗传抵御机制；它在自然选择青睐一些特定性征的其他情形下也可能出现。看起来杂合优势出现的关键是，很强的自然选择结果（携带者具有很大的优势）在相对短的时间内广泛起作用。而随时间推进，更少副作用的突变体最终会出现并取得最终胜利。杂合优势可能对其他性征有利这一点很重要，因为我们认为大部分阿什肯纳兹犹太人特有的突变体并非针对传染病的抵御机制。这样

说是因为在邻近的人群中没有这些突变体——这里说的邻近真的就是指那些跟德系犹太人隔街相对有同样机会接触到非常相似疾病的人群。因此，我们认为阿什肯纳兹犹太人身上携带的这些突变体和他们的智力有关，而这些突变体是因特殊的自然选择压力而兴起的，这些自然选择压力源自中世纪欧洲的德系犹太人所面对金融家角色。





带有零副、一副和两副肌抑素基因突变体的惠比特犬

我们在惠比特犬（这是一种类似于小型灵缇犬的品种）身上就观察到并非疾病抵御机制的性征上出现的明显的杂合优势。一些惠比特犬身上携带一种肌抑素基因（一种抑制肌肉形成的基因）的突变版本。携带这种突变的狗类会长出更多肌肉。携带一副这种突变的惠比特犬一般会比其他惠比特犬跑得快些并赢得赛跑比赛；[\[40\]](#)然而携带两副这种突变的个体被叫作“霸道惠比特”，极端肌肉发达并有肌肉痉挛的现象，作为赛跑者就不具备竞争力。一副突变体使得个体在一种特定的能力上更具优势，而两副突变体却在同样的能力上带来负面的作用。

同时，要让自然选择以这种方式起作用，一个人群必须与邻近群体有遗传隔离；否则它就不成其为一个不同的群体。基因混合会冲淡自然选择的作用并在混合过程中阻止自然选择发生作用。就好比你要煮汤但不停往锅里加水，那你什么也煮不成。而事实上阿什肯纳兹犹太人的确在中世纪时是与其他群体遗传隔离的，这不像平格拉普环礁岛民一样是因为被太平洋屏蔽，而是出于社会原因：反对通婚的内部规定加上外部的歧视。

在中世纪的大部分时间内，犹太人与非犹太人通婚以及非犹太人改宗犹太教的情况都是极罕见的。历史档案绝对是这样说的，然而我们也可以带着遗传学的眼光重新审视这些历史记录。如果我们研究一下明显

来自中东的等位基因，我们会发现相当部分当今的阿什肯纳兹犹太人血统中带有它们：根据我们的研究结果至少是50%的德系犹太人。这个结果显示了基因混合的概率是受到极强的限制的，因为即便每一代人中只有2%的基因混合，这样的混合概率也足以在过去两千年内使德系犹太人中的80%变成纯粹的欧洲血统。持续不断的基因混合（而不是大量发生在早期的混合）会对正在进行的自然选择过程产生最大化的干扰，但即便我们假设这种消极的持续混合的情况存在，看起来基因混合的概率在每一代人都低于1%，低得已经足以使得我们提出的自然选择假说能够成立。事实上，早期欧洲的基因混合有可能促进了自然选择过程，因为即便是很低程度的基因混合也可能是重要有益等位基因的源头。一般来说，以色列的地理位置是天然的交叉转折点，容易受到罗马人、希腊人、波斯人、巴比伦人、亚述人和埃及人的入侵，这有可能引致很高的基因多样化程度，促进了自然选择。

自然选择使得阿什肯纳兹犹太人的特定突变变得常见，这已经是很显然的了，因为遗传隔离的程度已经使得自然选择足以发生，而除此之外没有其他机制能解释集中在少数代谢途径的常见遗传病为何得以存在。你也可以看出为何这类自然选择通常仅限于地理隔绝的人群，因为如此严格的抗拒与邻近种族通婚的规则非常罕见。那么发生的是怎样的自然选择呢？是什么样的性征在阿什肯纳兹犹太人身上比在他们的邻居身上更宝贵呢？

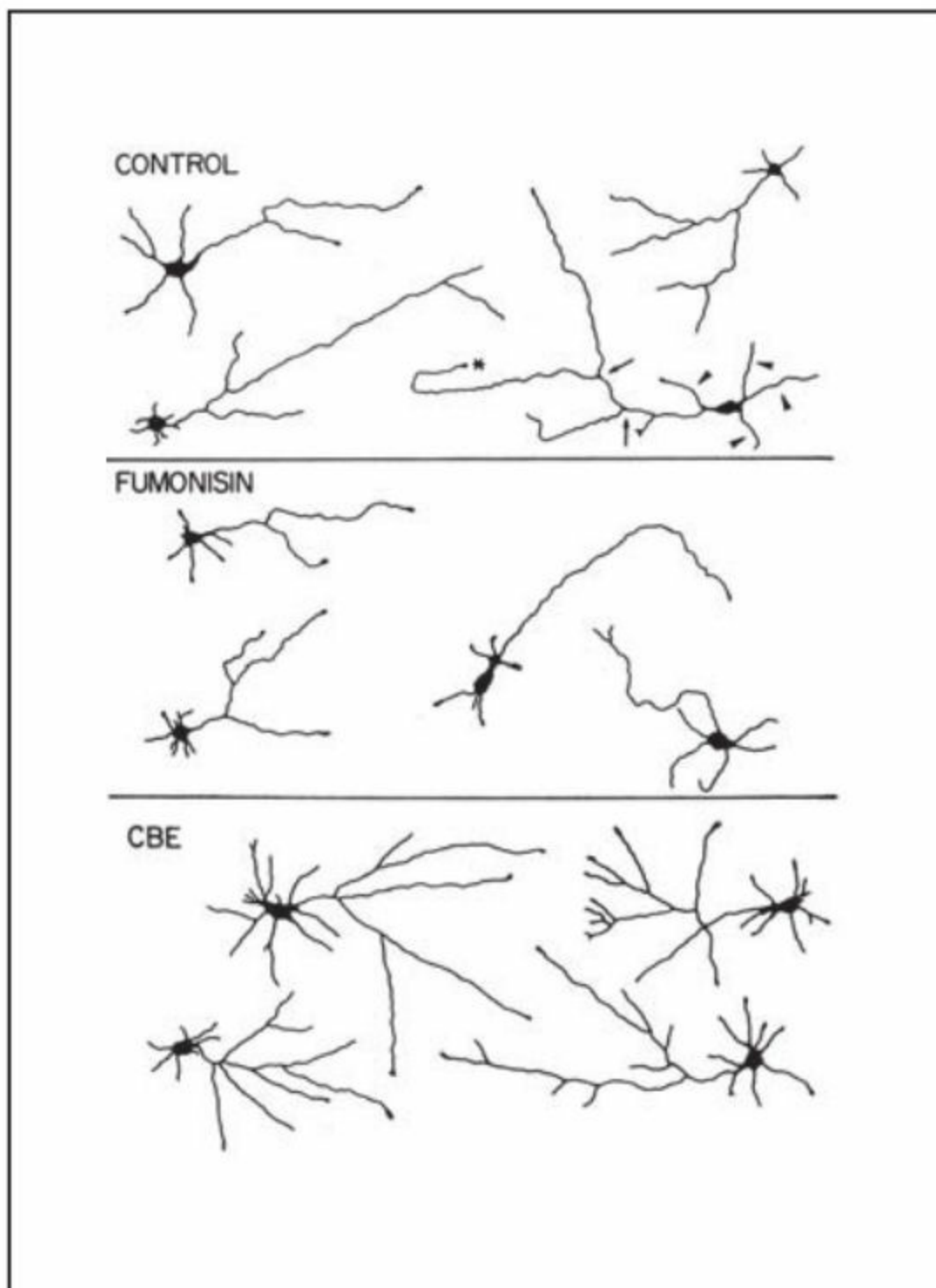
嗯，我们有一些很强的线索。是什么性征在当今的德系犹太人身上最突出呢？他们是壮大如萨摩亚人，高如图西族人，以及牛奶耐受如荷兰人吗？不是的，他们的特殊性征就是智力。

这些突变体本身就提示了这一点：它们中的一些看起来就很像会提高智商的，考虑到它们作用于中枢神经系统的发展。鞘脂类突变体特别有可能具有提升智力的作用。在每一种这类突变体中，都有一些特定鞘脂累积；这些鞘脂是变更过的脂类分子，它们在信号传输中起作用，并

在神经组织中特别常见。研究者已经确定这些鞘脂类作用水平的提升会引致神经元（中枢神经系统的基本细胞）之间更多的连接（高雪氏病的轴突生长）。

在家族性黑蒙性痴呆症的情形中有相似的效应：特定的累积混合物（GM2神经节苷脂）作用水平提升会促进树突（连接神经元的纤细多分支突起）的增长。[\[41\]](#)这种树突生成的增加现象也同样发生在A型尼曼匹克细胞出现、动物版黑蒙性痴呆症和尼曼匹克病的情形下。这些都是已知的疾病等位基因中唯一能引致神经连接增加的因素。

我们同时还有（并不确凿的）证据证明德系犹太人身上常见的一些基因变异有可能提升智力。我们研究了耶路撒冷高雪氏病患者的职业——实际上是所有在耶路撒冷沙尔泽德克医学中心（Shaare Zedek Medical Centre）治疗的患者。这些患者成为工程师或科学家的概率比以色列阿什肯纳兹犹太人从事这些职业的平均概率要高很多，事实上大概要高11倍。[\[42\]](#)关于阿什肯纳兹犹太人的另一种遗传病扭转性肌张力障碍也有类似的研究结果。这种遗传病最初被诊断出来的时候，研究者就已经开始注意到其患者不同寻常的智力水平。



高雪氏病的轴突生长。最上方一幅图显示的是普通培养的大鼠的神经元，中间一幅图显示的是因葡萄糖神经酰胺水平降低导致的轴突生长不良，最底下一幅图显示的是一个实验模型：由高雪氏病导致的葡萄糖神经酰胺水平升高引起的轴突生长和分支增加。葡萄糖神经酰胺水平是和高雪氏病有关的一类贮藏分子，其水平的提升会促进轴突（主要的神经信号传递渠道）的生长和分支。

1976年罗斯威尔·埃尔德里奇（Roswell Eldridge）在关于扭转性肌张力障碍的早期文献中这样描述道：一位病人显示了“远超于他岁数的智力发展水平”，而第二位显示了“在他这个岁数上超凡卓绝的智力发展水平”。[\[43\]](#)在这份文献中至少有另外10份报告做出了相似的评论。埃尔德里奇研究了14名犹太扭转性肌张力障碍患者，并发现他们在疾病症状发生之前的平均智商值是121，而对照组中14个相同年龄、性别和学校所在区的普通犹太孩子的平均值是111。[\[44\]](#)关于另一种阿什肯纳兹犹太人身上常见的遗传病，非典型先天性肾上腺增生症（nonclassic congenital adrenal hyperplasia, CAH），其患病个体也有高于平均智力水平的报告。先天性肾上腺增生症（CAH）会导致胚胎时期发育中的大脑更多受到雄激素的影响，其后果相对于家族性黑蒙性痴呆症要温和。至少有7个研究的结果显示先天性肾上腺增生症患者，其父母和其兄弟姐妹有高智商值，数值在107到113之间。德系犹太人中的先天性肾上腺增生症基因携带率为20%。[\[45\]](#)

选择怎样发生

我们对于中世纪时自然选择如何助力欧洲犹太人获得更高智力的想象，有赖于三点基本的观察。第一，在中世纪时富裕的个体平均会有比不富有的个体多得多的孩子。在当时绝大多数社会这都是典型的现象。^[46]第二，阿什肯纳兹犹太人的工作是相当要求认知能力的。因为这个群体的成员的职业基本上仅限于承包者和管理者的金融家角色、地产经理、包税人和商人，智商低于100的人基本上没法从事这类工作。即便是低端的书记员工作都要求大致达到90的智商。^[47]所以，智力在这类工作中所得到的回报一定大于在务农工作中得到的回报。这个肯定是真的，因为成功的务农者所需的体力强度和耐受力在金融和贸易中远远没那么重要。如果对于不同人群体力强度占的重要性少了，那么认知能力和个性特征必然占的重要性更多。第三，智力是高度可遗传的。如果父母比平均水平要聪明一点点，那么其下一代人就会比父母这一代要稍稍聪明一点。

我们可以用智商测试成绩设立一种假设，用以说明这个原理。我们假设每一代人的父母们平均比其余阿什肯纳兹成年犹太人的智商高一分。换句话说，让我们假设有一个适度的趋势（由经济成就调控），即高智力的父母比普通的父母有更多存活的孩子，而这个趋势在当时肯定没有被注意到。在这种情况下，如果我们假设智商有30%的遗传能力——这是个非常保守的假设——那么阿什肯纳兹犹太人的平均智商值将会在每一代增长0.3。逾四十代，也就是大约1000年后，阿什肯纳兹犹太人的智商值将会高12点。如果我们假设在公元600年时德系犹太人的初始智商值是典型欧洲的数值，也就是100，那么在公元1600年他们的智商值就会达到112，大约就是当今德系犹太人的平均智商值。这个预测跟可观察到的阿什肯纳兹犹太人的高口头表达能力和数学分数，以及

与之相对的平平的甚或低于平均的空间视觉分数是相一致的。口头表达和数学方面的才能会帮助中世纪生意人取得成功，而空间视觉能力则没什么关系。

在中世纪也很可能有针对所有欧洲人的一些智商方面的自然选择。伦敦或鹿特丹的基督教商人也可能经历过类似于阿什肯纳兹犹太人身上的选择压力，然而这些商人和犹太人口之间有一个重要区别，那就是基督教商人家庭是对外通婚的。基因混合有可能导致和总体人口之间的基因流，而当时大部分人口都是务农者。看起来如果整体欧洲人口的智商都上升了的话，那么在德系犹太人身上会有更大的智商提升。

我们的假设同时也解释了为何一些特定现象没有发生，尤其是能解释为何我们没有在当今的其他犹太人群体那儿看到很高的智商测试分数和非比寻常的智力成就。虽然他们曾经也有非常低的族外通婚率，然而看起来他们的职业从来没有那么高比例地集中在白领工作上，而白领工作会引致对口头表达能力和数学方面才智的强自然选择。这部分是因为中世纪时犹太人生活在伊斯兰世界的人数比在基督教欧洲的人数多出很多：没有针对犹太人的迫害的伊斯兰世界中，犹太人人数比白领工作数量还多。我们的假设同样解释了为什么没有任何迹象表明罗马帝国时期的犹太人有异乎寻常的高智力：那时候造成这个现象需要的事件都不存在。

[1] Linda Gottfredson, "Logical Fallacies Used to Dismiss the Evidence on Intelligence Testing," in *The True Measure of Educational and Psychological Tests: Correcting Fallacies about the Science of Testing*, edited by R. Phelps (Washington, D.C.: American Psychological Association, in press). 虽然这些标准化测试广受诟病，但所得的数据却毫无争议地仍然是能够使用的方法中可以最好地预测学术能力和工作能力的。这基本上在认知测试的研究群体中是毫无争议的。

[2] Cyril Russell and Harry S. Lewis, *The Jew in London* (London: Harper Collins, 1900).

[3] 诺贝尔基金会数据: <http://nobelprize.org/> (2008年10月1日查阅)。

[4] "Jewish Recipients of the ACM A.M. Turing Award," http://www.jinfo.org/Computer_ACM_Turing.html (2008年10月1日查阅)。

[5]Richard S.Tedlow et al.,“The American CEO in the Twentieth Century:Demography and Career Path,”Harvard NOM Working Paper No.03-21,Harvard Business School Working Paper No.03-097,February 2003,文章可见SSRN网站:<http://ssrn.com/abstract=383280>.or DOI:10.2139/ssrn.10.2139/ssrn.38328。

[6]来自Hillel International的数据: <http://www.hillel.org/HillelApps/JLOC/Search.aspx> (2008年10月1日查阅)。

[7]Margaret H.Williams,*The Jews among the Greeks and Romans:A Diasporan Sourcebook*(Baltimore:Johns Hopkins University Press,1998).

[8]Maristella Botticini and Zvi Eckstein,“From Farmers to Merchants:A Human Capital Interpretation of Jewish Economic History,”2002,<http://www.cepr.org/pubs/dps/DP3718.asp>.

[9]Mel Konner,*Unsettled:An Anthropology of the Jews*(New York:Viking Compass,2003).

[10]Williams,*The Jews among the Greeks and Romans*;Gregory of Tours,*The History of the Franks*(Harmondsworth,UK:Penguin,1974).

[11]Hayim Ben-Sasson,*A History of the Jewish People*(Cambridge:Harvard University Press,1976).

[12]Bernard D.Weinryb,*The Jews of Poland:A Social and Economic History of the Jewish Community in Poland from 1100to 1800*(Philadelphia:Jewish Publication Society of America,1973);Ben-Sasson,*A History of the Jewish People*;Zvi Ankori,“Origins and History of Ashkenazi Jewry(8th to 18th Century),”in *Genetic Diseases among Ashkenazi Jews*,edited by Richard M.Goodman and Arno G.Motulsky(New York:Raven Press,1979);Eli Barnavi and Miriam Eliav-Feldon,*A Historical Atlas of the Jewish People:From the Time of the Patriarchs to the Present*(New York:Knopf,1992).

[13]Botticini and Eckstein,“From Farmers to Merchants.”

[14]Nachum Gross,*Economic History of the Jews*(New York:Schocken Books,1975),147,150.

[15]Marcus Arkin,*Aspects of Jewish Economic History*(Philadelphia:Jewish Publication Society of America,1975);Ben-Sasson,*A History of the Jewish People*.

[16]Arkin,*Aspects of Jewish Economic History*,58.

[17]Ben-Sasson,*A History of the Jewish People*,401.

[18]Norman Roth,*Medieval Jewish Civilization:An Encyclopedia*.Routledge Encyclopedias of the Middle Ages,vol.7(London:Routledge).

[19]Weinryb,*The Jews of Poland*,313.

[20]Ibid.

[21]Ibid.,115.

[22]Ibid.,313.

[23]Bernard Lewis,*The Jews of Islam*(Princeton,N.J.:Princeton University Press,1984).

[24]《犹太百科全书》网站: <http://www.jewishencyclopedia.com/>。《犹太百科全书》最早是Funk&Wagnalls出版社在1901到1906年间的出版物,包含了十二卷超过一万五千篇文章,一直就依照1901年定的主题——关于犹太教的历史和现实状况以及犹太人。目前是公共领域资源。

[25]Eric Hobsbawm,“Benefits of Diaspora,”*London Review of Books*,October 20,2005,http://www.lrb.co.uk/v27/n20/hobs01_.html.

[26]Raphael Patai and Jennifer Patai,*The Myth of the Jewish Race*(New York:Scribner,1975).

[27]Tian et al.,“Analysis and Application of European Genetic Substructure Using 300K SNP Information,”*PLoS Genetics* 4,no.1(2008):e4.一个SNP是指单一位点的核苷酸呈多态性。如果我们在一个人群中取两组人类染色体然后同时研究它们,那么大约平均每过1000个位点的长度就会出现一对碱基对的差异。在一个人群的染色体上同一个位置出现不同碱基对的那个位点被称作一个SNP位点。

[28]Howard Gardner,*Frames of Mind*(New York:Basic Books,1993);Daniel Goleman,*Emotional Intelligence:Why It Can Matter More Than IQ*(New York:Bantam Books,1995).

[29]Arthur R.Jensen,*Bias in Mental Testing*(New York:Free Press,1980).

[30]Margaret E.Backman,“Patterns of Mental Abilities:Ethnic,Socioeconomic,and Sex Differences,”*American Educational Research Journal* 9(1972):1—12;Boris Levinson,“A Comparison of the Performance of Monolingual and Bilingual Native-Born,Jewish Preschool Children of Traditional Parentage on Four Intelligence Tests,”*Journal of Clinical Psychology* 15(1959):74—76;Julius S.Romanoff,“Birth Order,Family Size,and Sibling Spacing as Influences on Intelligence and Academic Abilities of Jewish Adolescents,”Department of Psychology,Temple University,1976.

[31]Richard Lynn,“The Intelligence of American Jews,”*Personality and Individual Differences* 26(2004):201—206.

[32]James F.Crow,“Unequal by Nature:A Geneticist’s Perspective on Human Differences,”*Daedalus*,Winter 2002,81—88.

[33]Cyril Russell and Harry S.Lewis,*The Jew in London*(London:Harper Collins,1900).

[34]A.Hughes,“Jew and Gentiles:Their Intellectual and Temperamental Differences,”*Eugenics Review* 18(July 1928):1—6.

[35]Leon Kamin,*The Science and Politics of IQ*(Potomac,Md.:Erlbaum,1974);H.Goddard,“Mental Tests and the Immigrant,”*Journal of Delinquency* 2(1917):243—277.

[36]Daniel Seligman,*A Question of Intelligence:The IQ Debate in America*(New York:Birch Lane Press,1992).

[37]Hanna David and Richard Lynn,“Intelligence Differences between European and Oriental

Jews in Israel,”*Journal of Biosocial Science* 39,no.3(2007):465—473.

[38]Yinon Cohen et al.,“Ethnicity and Mixed Ethnicity:Educational Gaps among Israeli-Born Jews,”*Ethnic and Racial Studies* 30,no.5(2007):896—917.

[39]Gregory Cochran et al.,“Natural History of Ashkenazi Intelligence,”*Journal of Biosocial Science* 38,no.5(2005):659—693;A.B.Olshenet al.,“Analysis of Genetic Variation in Ashkenazi Jews by High Density SNP Genotyping,”*BMC Genetics* 9,no.1(2008):14.

[40]Dana S.Mosher et al.,“A Mutation in the Myostatin Gene Increases Muscle Mass and Enhances Racing Performance in Heterozygote Dogs,”*PLoS Genetics* 3,no.5(2007):e79.

[41]Steven U.Walkley,“Neurobiology and Cellular Pathogenesis of Glycolipid Storage Diseases,”*Philosophical Transactions of the Royal Society London B* 358(2003):893—904;Steven U.Walkley et al.,“Gangliosides as Modulators of Dendritogenesis in Normal and Storage Disease-Affected Pyramidal Neurons,”*Cerebral Cortex* 10(2000):1028—1037.

[42]Cochran et al.,“Natural History of Ashkenazi Intelligence.”

[43]Roswell Eldridge,“Edward Flatau,Wladyslaw Sterling,Torsion Spasm in Jewish Children,and the Early History of Human Genetics,”*Advances in Neurology* 14(1976):105—114.

[44]Roswell Eldridge,“Torsion Dystonias:Genetic and Clinical Studies,”*Neurology* 11(1970):1—78;Eldridge,“Edward Flatau,WladyslawSterling,Torsion Spasm.”

[45]Maria I.New and R.C.Wilson,“Steroid Disorders in Children:Congenital Adrenal Hyperplasia and Apparent Mineralocorticoid Excess,”*Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 96(1999):12790—12797.

[46]在19世纪初的欧洲，传统上财富和后代数量的正相关联系开始逆转，在今天的工业社会一直都是已经逆转了的。这同时伴随着全体财富阶级死亡率的下降，和更晚些的生育率下降，即所谓的“人口转换”模式。

[47]Linda S. Gottfredson, “Why g Matters: The Complexity of Everyday Life,” *Intelligence* 24 (1997): 79 —132.

结论

文化革新在很长的时间里都是人类生物学变化的驱动力，在约250万年前人类开始使用工具之后就一直如此。自然选择青睐那些从事早期文化革新的原始人类大脑，而这些革新本身就导向更多身体和心理上的变化。

生物学特征和文化特征的协同演化一开始是很缓慢的，至少以现代标准看是慢的，但渐渐演化速度就快起来了。考古学记录显示我们的革新能力持续上升，直至约4万年前，我们已经为所谓的“人类革命”或旧石器时代晚期欧洲和亚洲北部的“创造性大爆发”蓄势待发。技术和艺术的突然兴盛发生在人类扩张并走出非洲的不久以后；它同时也跟生物学变化有关，而我们猜想这些生物学变化部分是由从尼安德特人或其他远古人类（亚洲大陆更早的占据者）身上偷得的基因驱动的。行为现代化导致更多的变化：人类制作更精良的工具，然后他们在数代人的时间里也反过来被这些工具不断塑造变化。

农业出现之后，文化和生物演化都加速了，因为新的生活方式使人们有了新的需求。农业出现以前人类一直都是觅食者：农业带来的人口急剧增加使得更多有益的变异体出现，也使得更多新想法出现。我们人类在农业传播后的快速演化的确是一万年的爆发。

这爆发如今还在持续：人类演化并没有止步于解剖学意义上的现代人类出现，或他们扩张走出非洲的时候。它从来没有停止。而且它怎么会停下呢？演化停滞需要一个静滞的环境，而行为现代化一直带来的都是革新和变化。一直以来我们都不曾有稳定和静滞的环境。这一点应该是很明显的，然而人类科学不仅忽视了它，相反还一直在一个奇怪的前

提下辛勤地做研究，这个奇怪的想法认为演化在4万年前就停止了。

所有这些都意味着也必然意味着，生物变化是驱动历史的重要因素。当然它不是唯一的因素，而且很奇怪的是，它还被与更传统的影响绑定在一起。诸如乳糖耐受一类的遗传变化的出现和传播是文化革新（例如农业的发展）的结果，它同时也源自随机出现的合适的突变。这些遗传变化反过来也对文化产生了影响。印欧人的扩张，欧洲人在北美和澳大利亚的成功定居，“瓜分非洲”的失败，阿什肯纳兹犹太人进入智力舞台，甚至有可能工业革命和科学的兴起，所有这些看来都是生物和文化变化之永恒的舞步所营造的。

如果人类科学的研究者们继续忽略自然选择从未停止作用这一事实，他们就会把许多重要问题的解答线索给丢掉，把谜题变成秘密。科尔特斯带着500人就征服并控制了几百万人的帝国。想要解释这件事情而不提持续演化带来的疾病抵御机制中的生物学差异，这完全不可能。

公元前5世纪的修昔底德说人类特征是不会变化的，所以可以预测，而当今许多科学家相信人类特征几万年前就停止了改变。历史学家们似乎一直以此为研究的前提。然而这样一来他们就忽略了巨大的契机，不仅在于解读人类的往昔，而且也在于塑造未来。贯穿人类历史的持续演化一直是一个巨大的自然界的实验，这个实验承诺了我们在理解自身、抵御疾病和精神病症方面的巨大的成果。利莫内苏尔加尔达隐藏着关于人类疾病的一个重要线索。世界上大概有100万个这样的小村庄，一定有更多类似的线索等待我们去发现。人类历史为我们展现的一些实验的成果甚至有可能帮助我们进行更有野心的尝试，去增加人类寿命和认知能力。

从事人类科学的学者们是时候去甩掉一系列关于演化停止和“心理均一”的僵化教条了。每一刻时间都很宝贵，我们有一整个世界要去争取呢。

术语表

选择适应性：在进化生物学领域广泛使用的词，却从来未被精确定义。一般而言，如果一个特征增加了携带者的适应性，那它就可以被称为“选择适应的”。因此，在寒冷的北方气候中暴露在阳光下的机会有限，通过日晒合成维生素D的机会也不足，在此情况下白皮肤可能是选择适应的。

阿卡德帝国：公元前2000年左右在伊拉克地区称雄的政治实体。阿卡德帝国建设了道路系统，拥有定期的邮政服务，并且大量使用泥版印章作为邮票。

阿兰人：马背上的游牧民族，撒马提亚人的一支，曾经作为汪达尔人的盟军入侵罗马帝国，而后在罗马晚期和中世纪在各地迁居。参见“撒马提亚人”“汪达尔人”词条。

等位基因：一个基因的一种变体，也就是在一条染色体上占据给定位置的特定核苷酸序列。核苷酸序列在一条染色体上占据的位置叫作位点。人群在同一位点上出现的不同序列互为等位基因。例如A、B和O分别是ABO血型组位点上的等位基因。

氨基酸：蛋白质基本的组成单位。有20种标准氨基酸，如果加上硒半胱氨酸的话就是21种。

解剖学意义上的现代人类 (AMH)：一种外表近似今天的人类的生物，20万年前在非洲东北部首次出现。从那时起，直到大概4.5万年前，关于该物种的创新发明有零散的考古学记录——珠子、赭石，偶尔出土新的高品质工具，此外没有太多的发现。大约4.5万年前，我

们的人类祖先走出非洲，一支殖民欧洲和喜马拉雅山以北的亚洲，另一支走进了澳大利亚、印度尼西亚局部和邻近的太平洋岛屿。一些意见认为20万年前的非洲人类就已经是解剖学意义上的现代人类，而另一些意见认为4.5万年前的殖民者才是。

早期智人：解剖学意义上的现代人类的祖先，分布于非洲、欧洲和亚洲，包括欧洲的尼安德特人。距今180万年到30万年之间的人类祖先通常称为直立人。此后，直立人显示出几项重要的变化：他们首次发明了预制石核的工具制造技术，开始使用灶，大脑变得更大，最后达到跟今天人类一样，或甚至稍微更大的脑容量。这些大脑显著变大了的直立人被称为“早期智人”。

亚述帝国：中心位于美索不达米亚北部的青铜时代帝国，在巴比伦的北边。亚述人说一种闪米特语。

投枪器：一种用于投掷标枪的装置，一端有一个把手，并带有一个钩或勺，用来固定标枪。投枪器可以把短标枪投出100米外。澳大利亚的投枪器叫作Woomera。

奥瑞纳文化：从非洲走出的解剖学意义上的现代人类在欧洲建立的文化传统中最早的一个。奥瑞纳文化包括早期的岩洞艺术、雕塑以及制造精美的石器和骨器。

常染色体：除性染色体外的其他染色体。人类DNA的23对染色体中，22对是常染色体，两性的常染色体都是成对出现的。余下一对染色体各自可以是X或Y，称为性染色体。

突触：神经细胞伸出的长条纤维或突起，用以传递神经电信号。

行为现代性：把现代人类与早期智人区分开来的一系列行为和文化特征。一些学科在不断尝试在现代人类和早期智人之间划出界线，但

不同的理论家把该界线划在我们这个物种历史上的不同时段。一些学者认为应该划在数十万年前跟我们近似的生物出现在非洲的时刻，而另一些则划在约45000千年之前，当时大量的艺术、装饰、服装、雕塑和新技术几乎是突然涌现在（尤其是）离开了非洲的人群中间。

柏柏尔人：撒哈拉以北非洲的土著居民。柏柏尔人的面貌比起撒哈拉以南的非洲人更像欧洲人。

石刃：从薄石片磨制成的石器，长超出宽的两倍。4万年前进入欧洲的解剖学意义上现代人类使用的石器中石刃的比例比尼安德特人工具中石刃的比例要大得多。

瓶颈：对人群数量的一种严峻限制，使基因多样性大幅降低。瓶颈的效应取决于人群的数量和持续的时间。就人类历史总体而言，如果人群数量只有数百，人口的减少就会留下基因的痕迹；如果有数千人口，人口数量的减少在基因意义上就显不出效果，除非瓶颈能持续数万年。

碳—14年代探测法：一种利用样本中碳的稳定和不稳定同位素比例来测定古生物和考古样本年代的方法。大气中的碳元素包含一种不稳定的同位素，由太阳活动产生，按固定的速度衰变。当一个生物死亡，它就不再跟大气交换碳元素，因此不稳定同位素的比例随时间逐步减少。只要测量稳定和不稳定碳同位素的比例，就能估测出死亡的时间。这种方法对于数百年到45000年之间发生的时间一般是准确的。并见“同位素”词条。

环境承载力：长期可承载的最大数量。对于人类而言，这取决于已知的技能和工具。同样的一片土地对牧业人口的承载力可能会低于对农业人口的承载力。

着丝点：染色体上的中心部分，参与细胞分裂。它包含的大部分

是重复的DNA，仅有少量的基因。

夏特佩赫农文化：在欧洲发现的石制器具文化，时间在解剖学意义上的现代人类从非洲入侵欧洲之后。它与尼安德特人的技术有某些相似之处，并常与尼安德特人的遗址相联系。一般认为这种文化是尼安德特人对入侵者技术的模仿。

染色体：一条非常长的DNA分子和与之相关的保护性蛋白质。人类有46条染色体，分为23对，每对中一方来自母亲，另一方来自父亲。最后一对，即性染色体，在女性体内为一对X染色体，男性体内为一条X和一条Y。

密码子：三个核苷酸组成的序列。三个一组的序列有64种，其中60种各自对应一种特定的氨基酸，其余指示蛋白质组合的开端和终结。

树突：神经元细胞上短而高度分叉的延伸。树突形成与其他神经元细胞的突触性接触。

二倍体：细胞内携带两套基因蓝图副本的生物，通常一套来自母亲，另一套来自父亲。二倍体与有性繁殖有关。

DNA：脱氧核糖核酸，一种包含决定生物的生长和生命功能的基因配方的核酸分子。

显性：当只有一份副本时，一个位点上一个等位基因的表型效应。例如血型为A的人群要么拥有两个A等位基因，要么拥有一个A和一个O；在后一种情况下我们就说A相比O是显性的。

伊米亚间冰期：全新世之前的上一次间冰期，始于约131000年前，在114000年前气温恢复到冰期前水平。在其峰值时期，北半球的气温比今天大概要暖1—2摄氏度。

埃特鲁里亚人：意大利的古代民族，聚居于罗马北部现今称作托斯卡尼的地区。他们对罗马的发展起到了重要的作用，甚至可能建立了罗马城本身。他们讲一种至今未能解读的非印欧语言，历史和基因证据支持他们起源于安纳托利亚。

指数性增长：像复利一样，与现存数量成倍数的增长。将上一期利息作为本金计算的复利使得财富指数性增长。在指数性增长中，翻倍的时间是恒定的。因此从100增加到200所用的时间跟从1000到2000所用的时间是一样的。

适应性：一个实体复制的速度。某一个体的适应性即其对下一代的基因贡献。一个基因或一批DNA的适应性即该基因复制的速度。

基因固定：特定基因在一个群体中的所有副本均完全相同的状态。

高雪氏病：一种在阿什肯纳兹犹太人中间不寻常地高发（100倍于平均发病率）的溶酶体贮积症。携带纯合体的个体罹患严重性不等的疾病，大多由于名为葡萄糖苷脂酰鞘氨醇的脂性物质在组织内累积所致。

基因：一组在生物学上有用的核酸系列。通常其有用产物是能够编码蛋白质的RNA信使，但有些基因制造结构性的RNA，或者规范其他基因的表达。

基因型：一个个体包含的基因特征，与其表征（即可见的特征）相对。比如血型表征为A的个体可能有AA或者AO的基因型。

群体选择：有利于适应性强的群体而不是适应性强的个体的自然选择。经典描述如下：甲组全是利他主义者，而乙组全是利己的个体。甲组作为一个群体增长更快，但由于两组由同一物种组成，乙组的利己个体总是渗透甲组，并占那里的利他个体的便宜。最终，利己的个体占

了优势。一般认为群体选择并不是进化中的重要力量。这意味着进化并不垂青利他或“为物种牺牲”的个体。

单倍体：细胞内携带一套基因编码（蓝图）副本的生物，然而多数复杂的动植物是二倍体。参见“二倍体”词条。

单倍型：统计上相关的、在一条染色体上相互毗邻的一批单核苷酸多态性（SNP）之集合。参见“SNP”词条。

单倍型地图：一组基因数据，记录着欧洲、撒哈拉以南和东亚的一批个体中常见的单核苷酸变体。

可遗传性：一项特征的各种变化中由基因变体引起的比例。需要注意的是，没有一项特征的可遗传性是固定的，因为这取决于基因变体的数量、环境的多样性和其他因素。肤色在纽约就比在斯德哥尔摩的可遗传性要高，因为在纽约基因变体数量更多。

杂合体：在一处位点上携带一个基因的两种不同等位基因的个体。

全新世：我们正处在的间冰期，始于约115000年之前。

直立人：于150多万年前离开非洲的人类祖先，占领了旧世界大部分的温带和热带地区。从颈部以下，他们就像是现代人类的极端粗线条版。他们的大脑大约有我们的2/3大，颅骨厚重，在眼部周围的骨头显著突起，下腭和牙齿粗壮。

海德堡人：直立人其中一种早期欧洲版本。至于是否该给这种直立人起个单独的名字，就见仁见智了。

智人：我们这一物种的正式名称，即解剖学意义上的现代人类。

纯合体：在一处位点上携带一个基因的两份相同等位基因的个体。

印欧语系：一批有亲属关系的语言的统称。大部分欧洲语言都属于印欧语系，同时还有波斯语和北印度诸语言。印欧语言一度扩展到中国西部。有几种关于印欧语言起源的可靠假说，其中最流行的一种是最早的印欧语言使用者（即原始印欧人群）是来自乌克兰草原的过着农牧生活的骑马民族。

印度河谷文明：在公元前2600年到公元前1900年间兴盛于巴基斯坦和印度西部的一个古代文明。楔形文字记录和考古发现均证明在这一文明和古代美索不达米亚之间有着广泛的海上贸易。

基因渗入：从一个物种到另一个物种的基因流动。

同位素：一种元素的几种质量不同的形式之一。同一元素的各种同位素质子数量相等，但中子数量不同。并见“碳—14年代探测法”词条。

乳糖酶：能够分解乳糖的消化酶。缺乏乳糖酶的人们如果喝了鲜奶，会感到肠胃不适，甚至更糟。

乳糖：奶中含有的一种糖类。

连锁不平衡：邻近的基因变体（通常是SNP）在群体中出现的统计相关性。染色体不断地分裂和重组，因此群体中一条染色体上的各种变体出现的频率会逐渐变得随机。举例说，通常情况下通过染色体上某处的SNP类型很难对10万个位点以外的类型做出预测。然而在多种进化力量的作用下，会形成在染色体上相隔长距离的变体之间的相关性，称为连锁不平衡。

位点：染色体上特定的位置。由于人类是二倍体生物，我们在每

个位点上有基因物质的两份副本。

功能丧失：突变导致的基因功能损坏。损坏一个基因功能的突变被称为“功能丧失突变”。为人熟知的其中一个例子就是导致欧洲人浅色皮肤的数种基因。这些本质上就是损坏了的非洲基因。基因学上功能丧失突变很常见，因为基因是很容易受损的。

马尔萨斯陷阱：指这样一种情形，即技术和生产的提升带来的收益都被人口增长带来的影响抵消了，从而技术进步的回报减弱，人口的平均福利没法提升。

线粒体DNA：细胞中叫作线粒体的细胞器中的遗传物质。线粒体DNA(mtDNA)在细胞核外的细胞质中传播；由此它通常只通过雌性传播。因为每一个个体只有一对遗传的线粒体DNA副本，所以线粒体DNA系统被称为单倍体系统（相对于二倍体系统）。参见“二倍体”“单倍体”词条。

莫斯特文化：在欧洲和近亚洲一带的与尼安德特人有关的文化和工具传统。它的特征包括使用预先准备好的岩芯制作复杂的燧石工具，但它同时也保留了一些更早的技术。

变异：遗传材料的变化。变异是一切遗传多样性的来源。

自然选择：各种因素造成的等位基因频率变化（排除取样误差）的过程。通常这意味着一个等位基因的出现频率被它在个体适应性上造成的影响所改变。

尼安德特人：一种早期人类，从几十万年前到约3.5万年前他们消亡的时候一直占据欧亚大陆西端，据推测跟解剖学意义上的现代人类曾形成竞争。

新石器时代：字面意思即“新的石头纪元”，这一时期起始于农业的出现，终结于金属工具的广泛使用。在中东地区它起始于约公元前9000年前，终结于约公元前4500年前。参见“旧石器时代”词条。

神经元：一种神经细胞。

核苷酸：作为DNA和RNA结构性成分的化学物质。它们包括一个叫作碱基的单元，连接一种糖类和一个或多个磷酸基团。DNA中的四个碱基分别为腺嘌呤、鸟嘌呤、胞嘧啶和胸腺嘧啶。一个染色体由几百万个连接的核苷酸构成。

旧石器时代：字面意思为“旧的石头纪元”，这一时期的起始可以追溯到超过200万年前，以源自奥杜瓦伊传统的最早诸石器传统为标志，包括旧时期时代早期在欧洲的解剖学意义上的现代人制造的石器（晚至1万年前）。这一石器终结于农业的出现，在约公元前9000年。参见“新石器时代”词条。

帕西人：印度的琐罗亚斯德教徒群体，（其中的一部分）由阿拉伯征服后离开伊朗的波斯人传下来。

普什图族：阿富汗最大的和巴基斯坦第二大的民族群体，穆斯林，说一种早期伊朗语，依一种称作“普什图瓦里”的荣誉准则行事。他们也被称作阿富汗人或普什图人。

更新世：一个地理纪元，起始于大约180万年前，一般认为终止于末次冰期结束时，约1.2万年前。

正选择：当自然选择青睐一个特定的等位基因时个体的优势出现，从而此等位基因的频率增加。

灵长目：哺乳纲的一个目，包括原猴亚目和新旧世界的猴类、猿

类和人类。

蛋白质：一条或多条经历了复杂折叠的氨基酸链。

原始印欧语：参见“印欧语系”词条。

锥体神经元：一种位于海马体和大脑皮层的神经元，由长轴突和许多树突组成。锥体神经元占大脑皮层神经元的约80%。

隐性：一个隐性等位基因只有在一个有机体中成双出现时才造成可探测的性征。许多隐性等位基因是无效基因，它们什么也不做。比如说，ABO血型中的O血型就来自一种基因产物的缺失。参见“显性”词条。

重组：染色体断裂、交换断片和重新组合的过程。也叫作“交换”。我们从每一对父母身上遗传一对染色体。这些父母身上的染色体断裂重组，因而我们遗传得的染色体是父母染色体的组合。

撒马提亚人：马背上的游牧民，生活在晚古时期的南俄和巴尔干东部，斯基泰人的后裔。他们说伊朗语支的一种语言，跟斯基泰人的语言有关系。参见“阿兰人”“汪达尔人”“斯基泰人”词条。

斯基泰人：马背上的游牧民，在古典时代早期占领南俄草原，说伊朗语支的一种语言。他们和他们的继承者撒马提亚人有很近的亲缘关系。

选择性清扫：一个新的变异体因被自然选择青睐而增加其频率的过程。

SNP：单核苷酸多态性，在一段DNA序列的变体上一个单核苷酸与一系列染色体同一位点上的单核苷酸不同。

西班牙苍蝇（斑蝥）：一种战士甲虫（Cantharides）能分泌的一种有毒的化合物，如服用会刺激尿道造成生殖器肿胀。它曾经被作为常用的壮阳药（比方说，法王路易十四就用过），或作为毒药。战士甲虫类分泌的化合物在美国是非法的，在畜牧业中使用除外。

鞘脂：一种脂质类，在细胞膜中可见，常见于神经组织中。它们在细胞识别、细胞膜结构形成和信号传输过程中都有重要影响。

家族性黑蒙性痴呆症：一种溶酶体贮积病症，在阿什肯纳兹犹太人身上超乎寻常地常见（约100倍于其他人）。纯合体会造成锥体神经元中树突的异常分支，使得携带个体在婴儿期死亡。

汪达尔人：一个东日耳曼部落，在公元4世纪时曾侵略罗马帝国。他们经过当今的法国，占领了当今西班牙南部地区一段时间，随后建立了一个以北非为中心的强盗帝国。参见“阿兰人”“撒马提亚人”词条。

X染色体：哺乳动物中两条性染色体之一，雌性携带两条X染色体，雄性携带一条X染色体和一条Y染色体。参见“Y染色体”词条。

雅诺马马人：亚马孙河流域的一个美洲印第安人部落，从事园艺和狩猎。他们因高度的暴力行为、地区劫掠和战争为人所知；他们中杀死他者的男性比不杀人的选择适应性要高。

Y染色体：哺乳动物中两条性染色体之一，雄性携带一条X染色体和一条Y染色体。Y染色体会启动雄性发育。除非出现变异，否则Y染色体会从父亲身上毫无变化地传到儿子身上。参见“X染色体”词条。

一万年的爆发：文明如何加速人类进化
[美]格雷戈里·柯克伦 亨利·哈本丁 著
彭李菁 译

电子书编辑：张畅
版权经理：王文嘉

出 品：中信联合云科技有限公司 www.yuntrust.cn
版 本：电子书
版 次：2017年12月第1版
字 数：160千字

纸书书号：978-7-5086-7845-0
出版发行：中信出版集团股份有限公司 CITIC Publishing Group

版权所有·侵权必究
投稿邮箱：tougao@citicpub.com

中信出版社官网：<http://www.citicpub.com/>;

官方微博：<http://weibo.com/citicpub>;

更多好书，尽在中信书院

中信书院：App下载地址<https://book.yunpub.cn/>（中信官方数字阅读平台）

微信号：中信书院